

---

# **XXXI. OTDK**

## **BIOLÓGIA SZEKCIÓ**

**Szeged, 2013. április 2-4.**



## **PROGRAM ÉS ÖSSZEFOGLALÓK**

---

A könyvben található összefoglalók a XXXI. OTDK Biológia Szekciójába nevezett dolgozatok szerzőinek tulajdonát képezik. Bármilyen felhasználásuk az adott összefoglalónál feltüntetett szerző(k) engedélyével lehetséges.

**A rendezvény szervezője:**

Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar,  
Biológus Tanszékcsoport

**A rendezvény társszervezője:**

Az Élettan Szegedi Oktatásának és Kutatásának Fejlesztéséért Közhasznú  
Alapítvány

**A kiadvány szerkesztői:**

Kredics László  
Hamari Zsuzsanna  
Kocsubé Sándor  
Manczinger Balázs  
Pfeiffer Ilona  
Takó Miklós  
Vágvölgyi Csaba

**Kiadó:**

Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar,  
Biológus Tanszékcsoport

**Nyomtatás:**

Innovariant Nyomdaipari Kft.

Megjelent 400 példányban

Szeged

2013

---

## TARTALOMJEGYZÉK

|  |       |
|--|-------|
| KÖSZÖNTŐ .....   | 5 -   |
| FONTOS INFORMÁCIÓK.....                                    | 6 -   |
| A XXXI. OTDK BIOLÓGIA SEKCIÓ RÉSZLETES PROGRAMJA.....      | 8 -   |
| KÍSÉRŐRENDEZVÉNYEK PROGRAMJA .....                         | 9 -   |
| NYITÓELŐADÁS.....  | 10 -  |
| A BIOLÓGIA SZIMPÓZIUM NYITÓELŐADÁSAINAK ÖSSZEFOGLALÓI - 11 |       |
| -  |       |
| ÖSSZEFOGLALÓK .....  | 13 -  |
| ÁLLATSZERVEZETTAN ÉS HUMÁNBiológIA .....                   | 15 -  |
| ÁLLATÖKOLÓGIA I. ....                                      | 23 -  |
| ÁLLATÖKOLÓGIA II.....                                      | 35 -  |
| BIOINFORMATIKA .....                                       | 45 -  |
| BIOKÉMIA.....  | 55 -  |
| BIOTECHNOLÓGIA .....                                       | 65 -  |
| EVOLÚCIÓ ÉS POPULÁCIÓGENETIKA .....                        | 75 -  |
| GENETIKA.....  | 85 -  |
| HIDROBIOLÓGIA I. ....                                      | 97 -  |
| HIDROBIOLÓGIA II.....                                      | 109 - |

---

|   |                |
|---|----------------|
| <b>IMMUNOLÓGIA.....</b>                               | <b>- 121 -</b> |
| <b>MIKROBIOLÓGIA I.....</b>                           | <b>- 135 -</b> |
| <b>MIKROBIOLÓGIA II. ....</b>                         | <b>- 145 -</b> |
| <b>MIKROBIOLÓGIA III. ....</b>                        | <b>- 155 -</b> |
| <b>MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.....</b>                    | <b>- 165 -</b> |
| <b>MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II. ....</b>                  | <b>- 175 -</b> |
| <b>NEUROBIOLÓGIA I.....</b>                           | <b>- 185 -</b> |
| <b>NEUROBIOLÓGIA II. ....</b>                         | <b>- 197 -</b> |
| <b>NEUROFIZIOLÓGIA .....</b>                          | <b>- 211 -</b> |
| <b>NÖVÉNYÉLETTAN ÉS NÖVÉNYSZERVEZETTAN I.....</b>     | <b>- 221 -</b> |
| <b>NÖVÉNYÉLETTAN ÉS NÖVÉNYSZERVEZETTAN II. ....</b>   | <b>- 231 -</b> |
| <b>NÖVÉNYI MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA ÉS GENETIKA .....</b> | <b>- 241 -</b> |
| <b>NÖVÉNYÖKOLÓGIA .....</b>                           | <b>- 251 -</b> |
| <b>TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA.....</b>                 | <b>- 265 -</b> |
| <b>VISELKEDÉSÖKOLÓGIA .....</b>                       | <b>- 279 -</b> |
| <b>NÉVMUTATÓ.....</b>                                 | <b>- 291 -</b> |
| <b>A XXXI. OTDK BIOLÓGIA SZEKCIÓ TÁMOGATÓI .....</b>  | <b>- 296 -</b> |

---

## KÖSZÖNTŐ

Kedves Diákkörös Vendégeink!

A XXXI. Országos Tudományos Diákköri Konferencia (OTDK) Biológiai Szekciója a Szegedi Tudományegyetem Természettudományi és Informatikai Karának szervezésében kerül megrendezésre 2013. április 2-4. között.

Néhány olyan nap, amelyre mi, a rendező intézmény képviselői rendkívüli izgalommal és várakozással készülünk. Nem ok nélkül, hiszen talán jelképes értéke is van annak, hogy a tavaszi szünet időszakában a hallgatók legjobbjai, a választott tudományterületek szépsége által már „elbűvölt” fiatal kollégáink nem pihennek, hanem összegyűlnek, hogy megismerjék és összemérjék szakmai tevékenységük eredményeit.

Manapság a leggyakoribb panasz – egyetemi hallgatótól és oktatótól egyaránt – a nehezen elviselhető és kezelhető leterheltség. Egyre több a feladat és egyre kevesebb a szabadon felhasználható idő. Ezért is különösen fontos, hogy a tudományos diákkörök keretében folyó tevékenységet méltón megbecsüljük, mert az elkészülő pályamunkák a motiváltság és a tudomány iránti elkötelezettség bizonyítékai.

Jó dolog egy ilyen rendezvényre készülni és remélem, hogy néhány nap múlva mindannyian – előadó hallgatók, érdeklődő diákok, szakvezetők és bírálók – elmondhatjuk: jó volt ezen a rendezvényen részt venni. Azért is bízunk ebben, mert a beérkezett pályamunkákat rendezgetve újra és újra rácsodálkozhattunk arra a sokszínűségre és magas színvonalra, amit a bemutatandó kutatások képviselnek. Méltó a tartalomhoz a helyszín, hiszen amikor a Biológia Szekció résztvevői Szegedre, a Szegedi Tudományegyetemre jönnek, akkor a hazai biológiai kutatások egyik fellegrárába érkeznek.

Kívánjuk, hogy a Biológia Szekció rendezvényét követően új szakmai ismeretekre és ismeretségekre szert téve, a tudományos munka iránti elkötelezettségükben megerősödvé, és nem utolsósorban sok szép emlékekkel gazdagodva térjenek haza majd Szegedről.

Szeged, 2013. március 15.

Dr. Vágvölgyi Csaba  
egyetemi tanár  
ügyvezető elnök

---

## FONTOS INFORMÁCIÓK

### Főbb helyszínek

#### Regisztráció

**A** - SZTE TTIK Biológiai Épület (Szeged, Közép fasor 52.)

#### Tagozati ülések

**A** - SZTE TTIK Biológiai Épület (Szeged, Közép fasor 52.)

**B** - SZTE Egészségtudományi és Szociális Képzési Kar (ETSZK) „B” épület (Szeged, Bal fasor 39-45.)

#### Szállás

**C** - Tisza Sport Hotel (Szeged, Szent-Györgyi Albert utca 42.)

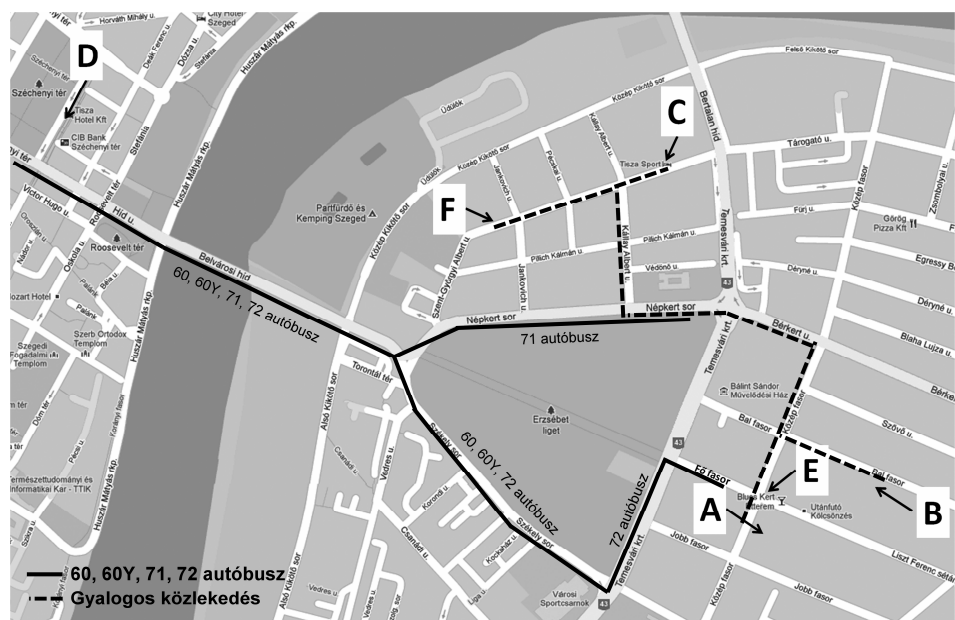
**D** - Tisza Hotel (Szeged, Széchenyi tér 3.)

#### Ebéd (2013. április 3.)

**E** - Blues Kert Vendéglő (Szeged, Fő fasor 14.)

#### Nyitó- és Záróünnepség, Bankett, Ebéd (2013. április 4.)

**F** - Hotel Forrás (Szeged, Szent-Györgyi Albert utca 16-24.)



---

Telefonos információs ügyelet a rendezvény ideje alatt, naponta 8-16 óráig:  
06 62 544-005

Email:  
otdk2013.biologia@gmail.com

### **Tájékoztató**

**a 2013. január 1-jétől érvényes,  
Szeged helyi, közösségi közlekedési díjakról.**

### **Menetjegyek**

#### Vonaljegy

- elővétélben váltott 310,-Ft
- a járművön váltott, és a különleges igényeket kielégítő, betűjelzéssel ellátott, helyi céljáratokon 400,-Ft
- 10 db-os gyűjtőjegy 2.950,-Ft  
(A tömb csak egyben vásárolható meg. Utazásra csak a leválasztott és érvényesített jegy jogosít)

Napijegy 1.000,-Ft

Három napra szóló jegy 2.525,-Ft  
(Érvényes: a vásárláskor megjelölt 3 egymást követő napra)

Hetijegy 3.700,-Ft  
(Érvényes: a vásárláskor megjelölt 7 egymást követő napra)

**A 2008. január 1. előtt váltott vonaljegyek utazásra nem jogosítanak!**

A fenti jegyek elvesztés, ellopás esetén való pótlására, valamint az érvényesség kezdetét követő visszaváltására, kicserélésére nincs lehetőség!

---

## A XXXI. OTDK BIOLÓGIA SEKCIÓ RÉSZLETES PROGRAMJA

### 2013. április 2.

|             |   |
|-------------|---|
| 12:00-19:00 | Regisztráció (SZTE Biológiai Épület Aulája)   |
| 16:00-16:30 | A zsűrielnökök és zsűritagok tájékoztatása (SZTE Biológiai Épület BI-164)   |
| 17:00-18:30 | Nyitóünnepség (Hotel Forás)   |
| 17:00-17:20 | Meghívottak, valamint a XXXI. OTDK Biológia szekció ügyvezető elnökének nyitóbeszéde  |
| 17:15-18:10 | Dr. Venetianer Pál – a Magyar Tudományos Akadémia rendes tagja, Szegedi Biológiai Kutatóintézet – előadása "Az emberi genom" címmel |
| 18:10-18:30 | A nyitóünnepség zárása az SZTE Zeneművészeti Kar Hallgatóinak előadásával   |
| 18:30-21:00 | Állófogadás (Hotel Forás)   |

### 2013. április 3.

|              |  |
|--------------|--|
| 8:00-13:00   | Délelőtti tagozati ülések (SZTE Biológiai Épület előadótermei és az SZTE Egészségtudományi és Szociális Képzési Kar „B” Oktatási épületének tantermei) |
| 11:30-13:45: | Ebéd (Blues Kert Vendéglő)   |
| 13:30-16:15: | Délutáni tagozati ülések (SZTE Biológiai Épület előadótermei)  |
| 16:45-18:00: | Zsűrielnökök tanácskozása (SZTE Biológiai Épület BI-167)   |
| 18:30-23:00: | Bankett (Hotel Forrás)   |
| 18:30-19:00: | Molnár Dixieland Band műsora   |
| 19:00-21:00: | Vacsora  |
| 21:00-23:00: | Zene és tánc   |

### 2013. április 4.

|              |   |
|--------------|---|
| 10:00-12:00: | Záróünnepség, díjkiosztó (Hotel Forrás)   |
| 10:00-10:20  | Meghívottak, valamint a XXXI. OTDK Biológia szekció ügyvezető elnökének záróbeszéde                                   |
| 10:20-11:50  | Az OTDT helyezettnek és a különdíjak átadása  |
| 11:50-12:00  | A XXXI. OTDK Biológia szekció ügyvezető elnöke átadja a stafétabotot a XXXII. OTDK-t rendező intézmény képviselőjének |
| 12:00-14:00  | Ebéd (Forrás Hotel)   |



---

## KÍSÉRŐRENDEZVÉNYEK PROGRAMJA

### 1/ A BAY ZOLTÁN ALKALMAZOTT KUTATÁSI KÖZHASZNÚ NONPROFIT KFT BIOLÓGIA SZIMPÓZIUMA

2013. április 3., SZTE TTIK Biológiai Épület, BI-164-es nagyelőadó

|             |   |
|-------------|---|
| 9:00-9:10   | Megnyitó  |
| 9:10-9:40   | Dr. Kiss István (Bay Zoltán Alkalmazott Kutatási Közhasznú Nonprofit Kft): Szennyezett területek bioremediációs potenciáljának jellemzése és felmérése a laboratóriumtól a terepi tesztekig |
| 9:40-10:10  | Balázs Margit (Bay Zoltán Alkalmazott Kutatási Közhasznú Nonprofit Kft): Bioremediációs folyamatok jellemzése a molekuláris biológia eszközparkjával  |
| 10:10-11:00 | Filmvetítés: Bioterrorizmus   |
| 11:00-11:30 | Dr. Kovács Tamás vezérigazgató-helyettes (Enviroinvest Zrt.): Bakteriofág-terápiás növényvédőszer fejlesztése   |
| 11:30-11:50 | Maák István PhD-hallgató (Kolozsvár): A világ hangyaszemmel, a hangyák emberszemmel   |
| 12:00-14:00 | Ebédszünet  |
| 14:00-14:50 | Filmvetítés: Mikrokozmosz   |
| 14:50-15:20 | Dr. Margóczy Katalin (SZTE Ökológiai Tanszék): Az ökoszisztéma szolgáltatásokról az etnoökológiáig  |
| 15:20-15:40 | Lovász Gabriella predoktor (Szabadka): A török hódoltság kori idegen etnikumok összehasonlító embertani vizsgálata  |
| 15:40-17:10 | Filmvetítés: Koyaanisqatsi – Life Out of Balance  |

### 2/ LÁTOGATÁS AZ SZTE INTERAKTÍV TERMÉSZETISMERETI TUDÁSTÁRBA

Kísérővel vezetett látogatás két időpontban a Szegedi Tudományegyetem Pedagógusképző Kar Interaktív Tudástárába (6725 Szeged, Boldogasszony sgt. 6)

**Időpontok:** április 3. 10:30 és 14:00 (a helyszínre érkezés egyénileg történik). A látogatás időtartama kb. 60 perc

---

## **NYITÓELŐADÁS**

### **AZ EMBERI GENOM**

**Prof. Dr. Venetianer Pál**  
**Szegedi Biológiai Kutatóközpont**

Több mint egy évtizede befejeződött a Humán Genomprogram (HGP), azaz az emberi öröklési anyag teljes információtartalmának a megismerése. Azóta történt egy újabb technikai forradalom és óriási előrelépést tettünk eme információtömeg értelmezésében. Az előadás röviden át fogja tekinteni az emberi genom megismerésének történetét, majd ismerteti a genom szerkezetét, legfontosabb funkcionális elemeit és azok eloszlását. A következőkben arról lesz szó, hogy ezek az új ismeretek hogyan alakították át a biológia világgképét (génszerkezet, génműködés és szabályozása, az RNS és a transzpozonok biológiai szerepe), továbbá mit köszönhet az antropológia, a történettudomány, az orvostudomány és más diszciplínák ezeknek az eredményeknek.

---

## A BIOLÓGIA SZIMPÓZIUM NYITÓELŐADÁSAINAK ÖSSZEFOGLALÓI

### SZENNYEZETT TERÜLETEK BIOREMEDIÁCIÓS POTENCIÁLJÁNAK JELLEMZÉSE ÉS FELMÉRÉSE A LABORATÓRIUMTÓL A TEREPI TESZTEKIG

**Dr. Kiss István**

**Bay Zoltán Alkalmazott Kutatási Közhasznú Nonprofit Kft  
Biotechnológiai Intézet**

*Bioremediáció, mikrobiológia, in situ, környezetvédelem*

A kármentesítések és környezetvédelmi tervezések során szennyezett talajok és talajvizek esetében gyakran felmerül annak az igénye, hogy jellemezzük egy adott terület endemikus mikroflóráját, annak biodegradációs potenciálját, illetve javaslatokat kell adni a bioremediációs folyamatok hatékonyságának növelésére.

A remediációban érintett mikroorganizmusok jellemzésére számos módszer van, előadásunkban egy olyan megközelítést mutatunk be, mely alkalmas arra, hogy laboratóriumi körülmények között pontosan feltérképezzük a kármentesítés által érintett célterület mikrobiótáját, valamint ezen mérések eredményeit terepi, valós körülmények közt is alkalmazzuk.

Méréseink alapvetően klasszikus mikrobiológiai módszereket, molekuláris biológiai diagnosztikával kiegészítve, valamint automatizált, szenzorikával megtámogatott lebontási vizsgálatokat tartalmazó mérések, amit egy modern analitikai eszközparkkal is kiegészítettünk.

A kombinált mérések lehetővé teszik aerob és anaerob bioremediációs folyamatok jellemzését, ahol szennyezőanyagként a kőolajszármazékokon keresztül, a klórozott alifás vegyületeken át a növényvédő szerekig számos vegyület szóba jöhet.

A laboratóriumi mérések eredményein alapulva lehetőség van a beavatkozások méret-növelt tesztelésére is, mely történhet nagylaboratóriumi, avagy terepi körülmények közt. Előadásunkban ezt a többszintes metodikát mutatjuk be, konkrét esetek eredményeinek prezentálásával.

---

## BIOREMEDIÁCIÓS FOLYAMATOK JELLEMZÉSE A MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA ESZKÖZPARKJÁVAL

Balázs Margit

Bay Zoltán Alkalmazott Kutatási Közhasznú Nonprofit Kft  
BAY-GEN Laboratory

*Molekuláris biológia, DNS alapú kimutatás, PCR, DGGE, szekvencia analízis, törzs-  
meghatározás*

Több, mint 20 éve alkalmaznak molekuláris biológiai módszereket a mikrobiológiai alap- és alkalmazott kutatásban, azonban a közegészségügyi vízminőség, környezeti mikrobiológiai területén a molekuláris alapú módszerek bevezetésének jelenleg csak csírái lelhetők fel. A tapasztalat az, hogy ennek hátterében többnyire a szabványosított módszerek hiánya és a szakma jelenlegi idegenkedése húzódik meg, holott számos érv hozható fel a molekuláris gyorsdiagnosztikai eszközök bevezetése mellett. A klasszikus, tenyésztésen alapuló meghatározások időigényesek, a szelektív táptalajokon történő tenyésztéssel a mikroflórának csak töredéke – a szakirodalom jelenlegi állása szerint 5-10%-a – vizsgálható. A polimeráz láncreakció (PCR) felfedezése óta lehetőség nyílt a vizsgált genetikai állomány tetszőleges szakaszának vizsgálatára, ezáltal a kimutatás nem függ sem az alkalmazott szelektív táptalajok minőségétől, sem a mikroba adott fiziológiai állapotától. Habár a klasszikus mikrobiológián alapuló vizsgálatokhoz képest a molekuláris kimutatási módszerek drágábbak, azonban az eredmények megbízhatósága és gyorsasága mindenképpen mellettük szól. Ez az előny elsősorban a gyors reagálást igénylő veszélyhelyzetek feltárásában és nyomon követésében kamatoztatható, így jól kiegészítik a jelenlegi bevett módszereket. A Bay Zoltán Alkalmazott Kutatási Közhasznú Nonprofit Kft Biotechnológiai Intézete közel 10 éve dolgozik környezeti mikrobiológiában és fejleszt új diagnosztikai módszereket. Munkánk során nagyszámú mintán tapasztaltuk a talajból történő mikrobiális DNS-izolálás és PCR-reakciók előnyeit és hátrányait is, és sikerült betekintést nyernünk ezen módszerek kármentesítési, vízkezelési technológiákban történő hasznosításába.

---

## **ÖSSZEFOGLALÓK**

---

---

## ÁLLATSZERVEZETTAN ÉS HUMÁNBOLÓGIA

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-242 terem, 9:00-11:00

Zsűri: Dr. Pálfi György, Dr. Bódi Nikolett, Dr. Pap Ildikó

- 09:00-09:15      **Barkáts Norbert** (II. Rákóczi Ferenc Kárpátaljai Magyar Főiskola Természettudományi Kar): A *musculus Palmaris longus* agenézis gyakorisága Akli, Akli-hegy, Gyula és Újakli község magyar lakosságánál
- 09:15-09:30      **Germán-Salló Zsófia, Kelemen Krisztina** (Bolyai Farkas Elméleti Líceum): Különbözünk, de miért?
- 09:30-09:45      **Harazin András** (SZTE TTIK): Vér-agy gát változások ornitinnel kiváltott akut hasnyálmirigy gyulladásban
- 09:45-10:15      szünet
- 10:15-10:30      **Kerese Kinga** (ELTE TTK): Tiszabura-Nagy-Ganajos-hát honfoglalás kori temetőjéből előkerült embertani leletek vizsgálatának eredményei
- 10:30-10:45      **Rumpler Éva** (PTE TTIK): Az *Eisenia fetida* embriók fejlődése során megjelenő GABA (gamma-aminovajsav) immunreaktív struktúrák
- 10:45-11:00      **Spekker Olga** (SZTE TTIK): Csont-ízületi tuberkulózis nyomai Vésztő Mágori-halom neolitikus kori temetőben

---



---

**BARKÁTS NORBERT**

Biológia

MSc, 9. félév

II. Rákóczi Ferenc Kárpátaljai Magyar Főiskola

Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Iváncsó Ernő  
docens, KTDK*

---

***A musculus Palmaris longus* agenézis gyakorisága Akli, Aklihegy, Gyula és Újakli  
község magyar lakosságánál**

Az adott munka a *Palmaris longus* izom agenézis gyakoriságával foglalkozik Akli, Aklihegy, Gyula és Újakli község magyar lakosságánál. A célok elérése érdekében a falvak magyar lakosságából 361 személyt – 174 fér-fi és 187 nő –vizsgáltam meg, ennek alapján a mérés eredményei 95%-os konfidencia intervallummal, és 5%-os hibahatárral bírnak. A vizsgálatok során számításba vettem minden esetleges zavaró tényezőt (obezitás, izomvariabilitás, stb.), amely befolyásolhatja az eredmények pontosságát.

A *Palmaris longus* izom agenézisének aránya e falvak magyar lakosságánál 24,6%. Az agenézis gyakorisága a férfiak körében 17,2%, a nők körében 31,5%. A mérés során érdekes eredmények születtek a végtaghoz kap-csolt *Palmaris longus* agenézis vizsgálata során. Ennek alapján a bilaterális hiány nagyobb, mint az unilaterális (8,8%/15,8%), ami nem jellemző az európai (kaukázusi) populációkra.

Összehasonlítva az eredményeket más populációkban végzett mérésekkel, szembetűnő volt a törökországi populációkban végzett mérésekkel való hasonlóság. Ezekben a mérésekben a vizsgált falvakban kapott eredményekhez hasonlóan, a bilaterális agenézis teljes mértékben dominált az unilaterális fölött. Az eredmények Kose és társai 2009-ben publikált eredményeivel mutatták a legnagyobb hasonlóságot.

Ezért a szemmel látható hasonlóságért elsősorban négy tényező lehet a felelős:

1. Inbriding, ami török populációról publikált eredményekhez hasonló PLI agenézist produkálhatott a vizsgált populációban.
2. A magyar nép származása. A magyar nép nem tartozik a Kárpát-medence őshonos lakosai közé, és nem képviselője az indoeurópai népeknek, ami, mint az a fejlődésanatómiai morfológiai és antropológiai tételekből kitűnik, okozója lehet az olyan morfológiai jellegekben való eltérésnek, mint a *Palmaris longus* izom agenézi-se.
3. A magyar és a török népek között fennálló genetikai kapcsolat, ami a két nép két nagy „találkozásával” is magyarázható. Az első a magyar népvándorlás alatt, míg a második a magyarok 150 évig tartó török hódolt-sága során következett be.
4. Véletlen egybeesés. Mivel a *Palmaris longus* izomnak mind a genetikai háttere, mind az öröklődésmenete tisztázatlan a mai napig, ezért nem zárhatjuk ki azt sem, hogy a kapott eredmények egyszerű egybeesés miatt mutatnak hasonlóságot a törökországi eredményekkel.

### **Különbözünk, de miért?**

Az embereknek a nemi kategóriákba való besorolása nem annyira egyértelmű, mint ahogy azt gondolnánk, hiszen van genetikai nemünk aszerint, hogy XX vagy XY kromoszómapárral rendelkezünk; anatómiai nemünk aszerint, hogy milyen nemi szerveket és jeleket viselünk a testünk felépítésében; hormonális nemünk; vagy pszichológiai nemünk aszerint, hogy belülről férfinak vagy nőnek érezzük, tartjuk, tudjuk magunkat. Semmi sem garantálja, hogy ezek a különböző nemek minden emberben egybeesnek.

A gének fontos szerepet játszanak a nemi differenciálódásban. Dolgozatunkban több génnek a hatását is feltérképeztük. Többek között az 1990-ben felfedezett SRY (ikertest meghatározó) gén, mely Y kromoszómán található, nagymértékben befolyásolja a férfi, illetve a női nem kialakulását.

A nemi különbségek és az emberi viselkedés közötti kapcsolat mostanáig széles körben vita tárgya a pszichológiában és a társadalomban. A női és a férfi agy közötti eltérések nem csak szaporodással kapcsolatos viselkedésmódban észlelhetők.

A férfiak és nők pszichológiailag különböznek és az ideggyógyászok olyan eltéréseket fednek fel az agy anatómiájában, melyek magyarázatot adhatnak a viselkedésbeli különbségekre. Például a prefrontális kéregnek egy Straight Gyrus-nek nevezett része, ami fontos szerepet játszik a szociális felismerésben és az emberi kapcsolatokon belüli döntésekben, aránylag nagyobb a nőknél, mint a férfiaknál.

A biológiai tényezők ismertetése után dolgozatunkban azt vizsgáltuk, hogy a középiskolás lányok és fiúk mennyire gondolkoznak nőiesen, illetve férfiasan. Felméréseinket Anne Moir és David Jessel 10 kérdéses pszichológiai tesztjének segítségével a Bolyai Farkas Elméleti Líceum IX-XII-es diákjainak körében végeztük, összesen 300 diákot teszteltünk. Az eredményeket felbontottuk évfolyamok, szakok és nemek szerint. Minden csoport esetén átlagot és standard deviációt számoltunk.

Az egyértelmű és kevésbé egyértelmű nembeli biológiai különbségeknek is viselkedésbeli utóhatásai vannak. Felméréseinkből kiderült, hogy az idegrendszer fejlődése a nemi és magatartásbeli különbségeket egyaránt tükrözi. Megfigyeléseink szerint a gondolkodást külső, szociális tényezők is befolyásolják, mint az iskolai rendszer, az osztály típusa, a nemek aránya az osztályban és az évfolyam.

Annak ellenére, hogy a legtöbb emberi lény a két domináns nemi kategóriába sorolható, úgy tűnik, mégis kulturális és biológiai hatások miatt nem húzható éles határ ezek közé.

---

**HARAZIN ANDRÁS**

biológus MSc

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Deli Mária**tudományos főmunkatárs, MTA SZBK Biofizikai Intézet**Dr. Tubak Vilmos**kutatóorvos, MTA SZBK Biokémiai Intézet*

---

**Vér-agy gát változások ornitinnel kiváltott akut hasnyálmirigy gyulladásban**

A súlyos akut hasnyálmirigy gyulladás korai patogenezise nem ismert részleteiben, a diagnózis csak előrehaladott állapotban történik meg. Az akut nekrotizáló *pancreatitis* mintegy 20%-ában *pancreaticus encephalo-pathia* jön létre, amelyre agyödéma és neuronpusztulás jellemző. Csoportunk korábban kimutatta, hogy a patkányokban taurokoláttal kiváltott akut *pancreatitis*-ben megnő a vér-agy gát permeabilitása a vér citokinszintjének emelkedésével párhuzamosan. Több nem invazív modell közül az intraperitoneálisan beadott kationos aminosavak (L-ornitin, L-lizin, L-arginin) is képesek *pancreatitis*-t indukálni hím Wistar patkányokban.

Az L-ornitinnal kiváltott *pancreatitis*-ben is vér-agy gát megnyílást igazoltunk permeabilitási kísérletekben agyi festékbefutás visszamérésével és elektronmikroszkópos vizsgálattal. A tüdőben és a májban nem mértünk szignifikáns permeabilitás fokozódást. Mivel a modellen a *pancreatitis* és a vér-agy gát változások okai nem ismertek, ezért lehetséges mechanizmusként merült fel a kationos aminosav transzporterek, különösképpen a Cat-1 (Slc7a1) részvétele a vér-agy gát barrier funkciójáért felelős agyi endotélsejteken. Kísérleteink célja az volt, hogy vizsgáljuk agyi endotélsejt-tenyészetek érzékenységét közvetlen L-ornitin kezelésre, valamint Cat-1 génexpressziót izolált agyi mikroereken, tenyésztett agyi endotélsejteken, *pancreas*, agy, tüdő és máj szövetekben.

Patkány agyi endotélsejtek primer tenyészetain toxicitási, permeabilitási és morfológiai vizsgálatokat végeztünk, hogy feltárjuk, miként befolyásolja a sejtek életképességét és a sejtközi kapcsolatokat az L-ornitin. A patkány *pancreas*-ból való RNS izoláláshoz igyekeztünk megfelelő módszert beállítani. Kvantitatív real-time PCR kísérleteket végeztünk agykéreg, agyi mikroér, tüdő, máj, hasnyálmirigy mintákon Cat-1 transzporterre, hogy expressziója összefüggésben lehet-e az L-ornitin hatással.

Eredményeink azt mutatják, hogy az L-ornitin dóziszfüggő módon toxikus agyi endotélsejtekre és megemeli a sejtrégeken a jelölő anyagok átjutását. A minél gyorsabb szervkivétel és a szövetminta folyékony nitrogénben való fagyasztása kulcsfontosságú a *pancreas*-ból történő RNS izoláláshoz. Izolált agyi mikroereken, tenyésztett agyi endotélsejtekben és humán agyi endotélsejtvonalon magas Cat-1 génkifejeződést igazoltunk. A megállapított Cat-1 expresszió jó kiindulási alap a későbbi *pancreatitis*-es állatokból származó szövetek vizsgálatához, és a Cat-1 aminosav transzporter szerepének feltárásához.

---

**KERESE KINGA**

Biológia

BSc, 9. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Hajdu Tamás*

*egyetemi tanársegéd, ELTE TTK*

---

**Tiszabura-Nagy-Ganajos-hát honfoglalás kori temetőjéből előkerült embertani leletek vizsgálatának eredményei**

A Tiszabura-Nagy-Ganajos-hát honfoglalás kori köznépi temetőből feltárt 21 egyén maradványai közül 7 férfit, 8 nőt, 6 nem meghatározható nemű fiatal korú egyént, gyermeket és magzatot/koraszülöttet azonosítottunk. Kraniometriai szempontból a vizsgált tiszaburai népesség és a régióból előkerült leletanyag egyaránt viszonylag heterogénnek tekinthető. A 21 csontváz közül testmagasságbecslésre 14 volt alkalmas: a férfiak átlagos testmagassága 168,0 cm, a nők 163,1 cm volt. A tiszaburai temetőbe eltemetett egyének átlagos testmagassága mind a régióban, mind a mai Magyarország területén feltárt honfoglalás kori sorozatok átlagos értékeinél nemtől függetlenül kisebb volt. A taxonómiai vizsgálatok során 5 esetben az europid és mongoloid jellegek keveredését, egy-egy egyén esetében pedig tisztán europid, illetve tisztán mongolid vonásokat figyeltünk meg. A tiszaburai népességben tehát jóval gyakrabban voltak jelen a mongolid jellegzetességek, mint a régióból származó más leletanyagokban. A térségben egyébként taxonómiaiilag kevert népességgel számolhatunk, mely jellemző a tiszaburai leletanyagra is. Fontos kiemelni azonban, hogy tisztán mongolid koponya a régióból csupán az általunk vizsgált tiszaburai anyagból került elő. A vizsgált egyének/sírjaik leletgazdagsága és a taxonómiai jellegek összevetése szempontjából fontos hangsúlyozni, hogy Tiszaburán – a régészeti leletanyag viszonylagos szegénysége ellenére – egy férfit mongolid típusúnak állapítottunk meg, tehát feltételezhető, hogy a honfoglalás korában a tulajdonképpeni mongolid típus előfordulhatott bármely társadalmi rétegben is. A leletanyagban több egyén maradványán is megfigyeltünk kóros elváltozásokat. Ezek egy része a történeti népesedések körében gyakran előfordul (*spondylosis deformans*, Schmorl-hernia, *enthesopathia*, stb.), más részük azonban hazánk területén elsősorban honfoglalás kori népesedések körében fordul elő. Az egyik nő koponyáján jelképes koponyalékelés figyelhető meg. Gyógyulási nyomok nem jelentkeztek, így feltételezhető, hogy a halál a trepanáció idején, vagy nem sokkal azt követően állhatott be.

---

**RUMPLER ÉVA**

Biológus

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Molnár László  
egyetemi docens, PTE TTK*

---

**Az *Eisenia fetida* embriók fejlődése során megjelenő GABA (gamma-aminovajsav) immunreaktív struktúrák**

A GABA gerincesekben és gerinctelenekben egyaránt előfordulhat gátló neurotranszmitterként és fejlődési szignálmolekulaként. Ezen adatok ismeretében vizsgálataink során az *E. fetida* embriók GABAerg rendszerét elemeztük immunhisztokémiai módszerrel. A GABA először az első embrionális fejlődési állapotban a csíralemezek kialakulása és a szegmentáció kezdete után jelent meg. Az első GABA immunreaktív (IR) sejtek az idegrendszerben tűntek fel, így a sztomatogasztrikus ganglionokban és a garatidegyűrűben. A fejlődés későbbi szakaszában az anterior-poszterior tengely mentén karakterisztikus neuroncsoportok jelentek meg az első szegmentális ideg mögött minden ganglionban. Ezen neuroncsoportok ipszi- és kontralaterális nyúlványai megszakítás nélküli polisegmentális interneuronális hálózatot hoztak létre a garatalatti dúctól a terminális ganglionig. A növekvő GABAerg idegnyúlványok lefutása alapján a nyúlványok legalább négy szegmentális ganglionon keresztülfutnak, mielőtt más idegnyúlványokkal szinaptizálnának.

A periférián először GABA IR sejtek a dorzális garatfalban jelentek meg, és számuk szignifikánsan nagyobb volt, mint az agydúcban. A sztomatogasztrikus ganglionok és a garatfal neuronjai egyaránt a száj és a garat területét innerválják, melyek fontos szerepet játszanak a kokon albumenjének a fejlődő emésztő csatornába szívásában. Az albumen a fejlődés későbbi szakaszaiban energiaforrásként szolgál. A formálódó testfal első GABAerg sejtjei a primer érzékhámsejtek voltak, melyek a késői E1-es és a korai E2-es fejlődési állapotban jelentek meg. Néhány kerek jelölt sejt, melyeket primer érzékhámsejtekként azonosítottunk, random elhelyezkedést mutattak a test elülső végén található szelvényekben. A fejlődés folyamán unipolárisssá váltak, a sertesorban elhatárolható csoportokat alakítottak ki, és centrális nyúlványukat a szegmentális idegen keresztül a hasdúcúlánchoz küldték.

Eredményeink azt mutatják, hogy a GABA neurotranszmitterként volt jelen az *E. fetida* embriók szenzoros, motoros és interneuronális hálózatában, melyek számos szövet és szerv differenciálódásában vehetnek részt.

---

**SPEKKER OLGA**

Biológiatanár MSc

MSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Molnár Erika**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK**Dr. Pálfi György**tanszékvezető egyetemi docens, SZTE TTIK*

---

**Csont-ízületi tuberkulózis nyomai Vésztő Mágori-halom neolitikus kori temetőben**

A *Mycobacterium tuberculosis* complex tagjai által okozott tuberkulózisos megbetegedések paleopatológiai kutatásának időszerűségét az adja, hogy a tbc napjaink egyik legtöbb halálos áldozatot követelő fertőző betegsége. Közvetve a történeti népességeken végzett paleopatológiai vizsgálatok is hozzájárulhatnak a tbc-vel szemben folytatott küzdelem eredményességéhez: a kórokozó evolúciójával, fertőzőképességének változásával kapcsolatos kérdések megválaszolását segíthetik a csontvázleletekből kinyert kórokozó-DNS molekuláris biológiai vizsgálatai, melyekhez nélkülözhetetlen a megelőző makromorfológiai analízis.

Dolgozatomban célja új adatok szolgáltatása a tbc magyarországi paleoepidemiológiájához. A vizsgálat anyagául az Alföld egyik legnagyobb neolitikus kori lakóhelye, Vésztő Mágori-halom tiszai kultúrábeli (ca. i.e. 4900-4500) embertani leletei szolgáltak. A széria kiválasztását az indokolta, hogy a neolitikus forradalom idején az életmódváltással együtt járó változások elősegíthették a fertőző megbetegedések, így feltételezhetően a tbc elterjedését és fennmaradását is, ugyanakkor a neolitikus korból rendkívül kevés adat áll rendelkezésünkre a csontízületi tbc szempontjából.

A 30 egyén paleopatológiai analízisét megelőzően a teljes szériát megvizsgáltuk az elhalálozási életkor becslése és a sexus megállapítása céljából. A paleopatológiai vizsgálat során az általánosan alkalmazott makromorfológiai módszereket használtuk. A klaszszikus csontelváltozások mellett a tbc-vel összefüggésbe hozható, azonban arra nem specifikus léziókat is figyelembe vettük. A makromorfológiai alapon felállított diagnózisokra épülő molekuláris biológiai vizsgálatokat Pósa Annamária, az SZTE TTIK Embertani Tanszékének doktorandusza végezte az olaszországi Bolzanóban (*Ancient DNA Laboratory of the Institute for Mummies and the Iceman*, EURAC Research).

A makromorfológiai analízis négy feltételezett tuberkulózisos esetet tárt fel. Egy esetben a csonttani tünetek multifokális tbc-re utalnak. A megfigyelt elváltozások (bordaléziók, szuperficiális csigolyaelváltozások/*hypervascularisatio*, endokraniális léziók, diffúz bilaterális *periostitis*) három egyénnél a korai stádiumú tuberkulózisra jellemzők, ugyanakkor nem kizárólag tbc specifikusak. Együttes megjelenésük - ahogy azt anyagunk valamennyi esetében tapasztaltuk - azonban megerősíti a korai stádiumú csontízületi tbc diagnózisát. A molekuláris biológiai vizsgálatok során egy minta volt pozitív mycobacteriális DNS szempontjából.

---

## ÁLLATÖKOLÓGIA I.

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, XXX terem, 13:00-15:45

Zsúri: Prof. Dr. Gallé László, Dr. Szövényi Gergely, Dr. Benedek Klára

- |             |  |
|-------------|--|
| 13:00-13:15 | <b>Ágh Nóra</b> (SZIE ÁOTK): Két légykapó faj vonulási mintázatában történt változások vizsgálata madárgyűrűzési adatsorok elemzésével   |
| 13:15-13:30 | <b>Arany József</b> (DE TTK): Lisztbogár egyedek ( <i>Tenebrio molitor</i> L.) elemösszetételének változása az egyedfejlődés különböző stádiumaiban                                      |
| 13:30-13:45 | <b>Bálint László</b> (KE ÁTK): A <i>Protracheoniscus politus</i> (Isopoda: Oniscidea) populációdinamikája és términtázata  |
| 13:45-14:00 | <b>Kelemen Petra</b> (SZTE TTIK): Térbeli heterogenitás és a legeltetés hatása homoki gyepek Orthoptera közösségeire   |
| 14:00-14:15 | <b>Papp Dalma</b> (DE TTK): Városiasodás hatásának vizsgálata futóbogár ( <i>Carabus vioaceus</i> L.) egyedek mikroelem összetételére  |
| 14:15-14:45 | szünet   |
| 14:45-15:00 | <b>Papp Gábor, Gábor Anna</b> (PTE TTK): Domináns kisemlősfajok élőhely használata különböző erdőképzetű területeken   |
| 15:00-15:15 | <b>Somogyi Balázs, Hárságyi Dorottya, Morvai Anita</b> (PTE TTK): A vörös róka ( <i>Vulpes vulpes</i> ) opportunist predációs viselkedésének hatása a kisemlősök csapdázási eredményeire |
| 15:15-15:30 | <b>Soós Gábor</b> (EKF TTK): Ornitológiai vizsgálatok a fokozottan védett Fás-ér területén   |
| 15:30-15:45 | <b>Szabó Borbála</b> (SZIE MKK): A Trebon 10 F növényvédő szer generációkon átívelő hatásai a <i>Folsomia candida</i> (Collembola) fajon   |

---



---

**ÁGH NÓRA**

Biológia

BSc, 5. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Harnos Andrea*

*egyetemi docens, SZIE ÁOTK*

*Dr. Csörgő Tibor*

*tudományos főmunkatárs, ELTE TTK*

*Kovács Szilvia*

*tudományos segédmunkatárs, SZIE ÁOTK*

---

**Két légykapó faj vonulási mintázatában történt változások vizsgálata  
madárgyűrűzési adatsorok elemzésével**

Az elmúlt évtizedekben számos énekesmadár vonulási mintázata megváltozott valószínűleg környezeti, időjárási hatásokra. Az Ócsai Madárvárta Egyesület hosszú távú, standard módon felvett gyűrűzési adatai lehetőséget nyújtanak ezen változások, hatások, illetve a madarak vonulási jellemzőinek vizsgálatára. Dolgozatomban a kormos légykapó (*Ficedula hypoleuca*) és a szürke légykapó (*Muscicapa striata*) vonulási fenológiáját vizsgáltam és hasonlítottam össze, ahol lehetett ivar és korcsoport szerinti bontásban. A vonulás időzítésében bekövetkezett változásokat és a biometria jellemzők és az időzítés kapcsolatát kvantilis regresszióval, a biometria jellemzők változását lineáris regresszióval vizsgáltam. A tavaszi és az őszi vonulás során befogott madarak szárnyhosszát és testtömegét Welch-próbával hasonlítottam össze. Az időjárási adatok elemzése során az átlagos havi maximum és minimum hőmérsékletet, valamint a napi csapadékmennyiséget hasonlítottam össze a tavaszi és őszi érkezések mediánjával. Eredményeim szerint mindkét faj minden vizsgálati csoportjánál korábbra tolódott a tavaszi, és későbbre az őszi vonulás időzítése. Ennek valószínű oka a tavaszi és őszi időjárási feltételek megváltozása, a táplálékfajok megjelenésének időzítésében történt változások. A biometria adatok szerinti időzítés a két fajnál eltérő mintázatot mutat a szárnyhosszak alapján. A kormos légykapó esetén tavasszal az átlagosan hosszabb, ősszel a rövidebb szárnyú egyedek érkeznek korábban, míg a szürke légykapónál mindkét időszakban a hosszabb szárnyúak. A testtömeg alapján mindkét fajnál az átlagosan kisebb tömegűek érkeznek meg korábban. A kormos légykapónál a tavaszi és őszi szárnyhossz eloszlás mintázatában talált különbség alapján arra lehet következtetni, hogy a faj hurokvonuló, azaz a populációk tavasszal és ősszel különböző útvonalat járnak be. A szürke légykapó esetén már nehezebb következtetéseket levonni. Lehetséges, hogy az ivarok vonulásának időzítése tér el, de az is hogy a „bakugrás” vonulási stratégia okozza a mintázatot. Az átlagos szárnyhossz növekedés hátterében az állhat, hogy megnövekedett az északi, hosszabb szárnyú egyedek aránya az átvonulók között. A lokális időjárási változók és a tavaszi-őszi vonulás időzítése között nem találtunk szignifikáns összefüggést, aminek magyarázata az lehet, hogy a lokális meteorológiai változók nem relevánsak /megfelelőek klímaváltozás madárvonulásra gyakorolt hatásainak vizsgálatára.

---

**ARANY JÓZSEF**

kémia

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Simon Edina*

*egyetemi adjunktus, DE TTK*

---

**Lisztbogár egyedek (*Tenebrio molitor* L.) elemösszetételének változása az egyedfejlődés különböző stádiumaiban**

A lisztbogarakat számos kísérletben alkalmazták bioindikátorok szervezatként. A könnyű begyűjthetőségük, rövid életciklusuk, környezethez való alkalmazkodásuk és akkumuláló képességük miatt jó bioindikátoroknak bizonyultak. Vizsgálatunk során lisztbogár egyedek különböző életciklusaiban az elemösszetételbeli változásokat elemeztük, valamint azt vizsgáltuk, hogy mely elemek milyen hatást gyakorolhatnak az adott stádiumban. Kísérletünkben egy genetikailag hasonló tenyészet első lárvá stádiumából 60–60 egyedet kiválasztottunk, 3 különböző csoportba tettük őket, csoportonként 2–2 dobozba, mely a statisztikai analízisnél a GLM ANOVA használatát jelentette. Az egyedeket azonos minőségű és mennyiségű burgonyaporból készült burgonyapürével tápláltuk, majd minden stádiumból 10–10 egyedet kiválasztottunk, oldatokat készítettünk belőlük és ICP–OES módszerrel elvégeztük az elemek analízisét. A varianciák homogenitását Levene próbával ellenőriztük. A kanonikus diszkriminancia-analízis (CDA) 99,2%-ban helyesen sorolta be a különböző stádiumokat elemösszetételük alapján, azonban a három lárvastádium átfedésben van egymással. Ez bizonyítja, hogy az elemösszetétel különböző az egyes fejlődési stádiumokban. A GLM ANOVA eredményei azt mutatják, hogy valamennyi általunk vizsgált elem tekintetében a stádiumok között szignifikáns különbséget tapasztaltunk. Eredményeinkből többek között az is kiderül, hogy a kalcium és a magnézium viszonylag magas koncentrációban van jelen, a cink és a vas pedig esszenciális elemeknek tekinthetők. Szembetűnő, hogy a legtöbb kifejlett rovar hemolimfájában magasabb a nátrium koncentráció, mint a lárvákéban, de ennek fordítottja igaz a magnéziumra. Korábbi kutatások megállapították, hogy a cink koncentrációjára hatással van a metamorfózis. Ezt bizonyítják egyrészt saját eredményeink is. Összességében vizsgálataink azt mutatják, hogy a rovarok egyes egyedfejlődési stádiumaiban jelentős mértékben megváltozik az egyedek elemösszetétele.

---

**BÁLINT LÁSZLÓ**

Természetvédelmi mérnök

BSc, 7. félév

Kaposvári Egyetem

Állattudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Farkas Sándor*

*egyetemi docens, KE ÁTK*

---

***A Protracheoniscus politus (Isopoda: Oniscidea) populációdinamikája és  
termintázata***

A hazai ászkarák-kutatások az elmúlt évtizedekben új lendületet vettek, de ennek ellenére a fajok ökológiájának számos területéről még viszonylag kevés adattal rendelkezünk. A *Protracheoniscus politus* faj mezohabitat-szintű termintázataról eddig nem rendelkezünk információkkal, ezt a hiányt igyekeztem munkámmal pótolni. Kutatásom során egy heterogén erdőállományban kijelölt hat mintavételi hely fogási adatait elemeztem és hasonlítottam össze. A mintagyűjtés egy éven keresztül 11 mintavételi időpontban történt, így lehetőség volt a termintázat elemzés mellett populációdinamikai elemzésre, valamint a populációdinamikai és termintázatra vonatkozó eredmények közti esetleges kapcsolat megállapítására. A vizsgálat során az ivarok arányának megoszlása a várt eredményt hozta (60-40 % a megoszlás nőstények javára), azonban egyes élőhelyeken kiegyenlített volt ez az arány. A populációdinamikai elemzés nagyjából fedi a szakirodalom adatait, a szaporodási időszakok kapcsán adódtak eltérések. A diszpergáltság analízis az esetek döntő többségében aggregált, azaz feldúsuló térbeli eloszlást mutatott a mezohabitatokon belül, kevés eredmény utalt véletlenszerű vagy szegregált eloszlásra, valamint szoros összefüggést tapasztaltam a felszíni aktivitás és a diszpergáltság mértéke közt. A hat mezohabitatot összehasonlítva, diszpergáltság szempontjából kizárólag aggregált térbeli eloszlást mutat az eredmény. A homogenitás-vizsgálat összhangban van az előző eredményekkel: a vizsgált eseteknek megközelítőleg a felében biztosan nem homogén az egy élőhelyre kihelyezett csapdák fogásszámának eloszlása. Az összes gyűjtött egyed száma alapján összehasonlítva a mintavételi helyeket, az alacsony fogásszámot produkáló mezohabitatok (Akác 1, Akác 2), valamint a magas fogásszámot produkáló mezohabitatok (Fenyves, Tölgyes alja) közt tapasztaltam legtöbb esetben szignifikáns különbséget, míg a két akácos élőhely közt sosem adódott statisztikailag igazolt különbség. A hím és a nőstény egyedeket különkülön vizsgálva is hasonló eredményre jutottam. Az eredmények alapján az Akác 1, az Akác 2 valamint a Tölgyes tópart mezohabitatok termintázat szempontjából egymástól nem mutatnak jelentős eltérést, azonban azon élőhelyektől, melyeken magasabb számban gyűjtöttük a faj egyedeit, az esetek jelentős részében szignifikáns módon eltértek.

---

**KELEMEN PETRA**

Biológia

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Bozsó Miklós**tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK*

---

**Térbeli heterogenitás és a legeltetés hatása homoki gyepek *Orthoptera* közösségeire**

Az *Orthoptera* közösségek és a környezeti változók paraméterei között kapcsolat figyelhető meg. A megváltozott környezeti hatásokra érzékenyen reagálnak. Az egyenesszárnú közösségek különböző élőhely típusokat foglalnak el, ezért indikátor fajok lehetnek adott területen. A dolgozat célja a térbeli heterogenitás hatása, a legeltetett és nem legeltetett terület egyenesszárnú közösségeinek vizsgálata.

A vizsgálatra a Kiskunsági Nemzeti Park bugaci részének egy 2,4 hektár nagyságú, a legeltetéstől elhatárolt területén és a körülötte elhelyezkedő legelőn került sor. A lekerített terület és a legelő domborzata jellegzetes, buckatetőkkel és buckaközökkel tagolt. A vizsgálatokat 2007-ben és 2012-ben végeztük. A fajokat 2007-ben Barber-féle talajcsapdával, 2012-ben fűhálóval gyűjtöttük be. A magyarázó háttérváltozók mindkét évben ugyanazok voltak.

A két év adatsorán ordinációs eljárásokat: Nem metrikus többdimenziós skálázását, Kanonikus korrespondencia-elemzést, Indikátorfaj-analízist végeztem.

Eredményeim alapján elmondható:

- 1) Mindkét évben a különböző mintavételi módszerek alkalmazásával az elkerített terület buckatető és buckaköz *Orthoptera* közösségei nem különültek el egymástól. Viszont a legelőn lehelyezett mintavételi helyek *Orthoptera* közösségei élesen elhatárolódtak az elkerített területétől.
- 2) A két évben a környezeti változók közül, a legeltetés volt a legerősebb hatással az egyenesszárnú közösségek hasonlóságára.
- 3) Az indikátor értékek alapján karakterfajok köthetők a legeltetett és nem legeltetett területhez.
- 4) A különböző mintavételi módszerek hatékonysága elkülönül a legeltetett és a nem legeltetett területen.

Az *Orthoptera* közösségek fontos szerepet játszanak a füves-ökoszisztémák fenntartásában. Folytonos vizsgálatuk lényeges, mivel rávilágítanak a természetvédelmi kezelések és a gyepgazdálkodás által történő beavatkozások hatékonyságára.

---

**PAPP DALMA**

Biológia

BSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Simon Edina*

*egyetemi adjunktus, DE TTK*

---

**Városiasodás hatásának vizsgálata futóbogár (*Carabus vioaceus* L.) egyedek mikroelem összetételére**

Az urbanizáció negatív hatást gyakorol az ökoszisztéma egészére, ez indokolja az urbanizáció által okozott környezetszennyezés vizsgálatát, esetünkben bioindikátor szervezetekkel.

Vizsgálatunk célja futóbogarak mikroelem (Al, Ba, Cd, Cu, Fe, Mn, Sr, Zn) összetételének vizsgálata Debrecenben az urbanizáció három különböző szintjéről. *Carabus violaceus* egyedeket vizsgálunk egy urbanizációs gradiens mentén *urban*, *suburban* és *rural* területeken.

Hipotézisünk szerint a városiasodás hatással van a futóbogarak mikroelem-koncentrációjára, és koncentrációjuk a városi területek felé haladva növekedhet. Kanonikus diszkriminancia analízist (CDA) alkalmazva a három vizsgált területről gyűjtött futóbogarak mikroelem összetételük alapján jól elkülönültek egymástól, de átfedéseket is tapasztalunk. Varianciaanalízis alapján szignifikáns különbségeket tapasztalunk Al, Cd, Mn és Zn esetében az egyes területekről gyűjtött futóbogár egyedekben.

Vizsgálataink igazolják, hogy különbség van a vizsgált területek között, ezek a különbségek pedig a városiasodás hatására alakultak ki.

---

**PAPP GÁBOR**

Biológia  
BSc, 7. félév

Pécsi Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

**GÁBOR ANNA**

Biológia  
MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Horváth Győző  
egyetemi adjunktus, PTE TTK*

---

### **Domináns kisemlősfajok élőhely használata különböző erdőképkorosztályú területeken**

A Kőszegi-forrás Erdőrezervátum (Mecsek-hegység) területén elevenfogó csapdázással vizsgáltuk a kisemlősök különböző vegetációstruktúrájú erdőfoltokban megjelenő tér-időbeli mintázatát. A 2011-es évi monitorozás adatai alapján kimutatott 3 karakter rágcslófaj – sárganyakú erdeieger (*Apodemus flavicollis*), közönséges erdeieger (*Apodemus sylvaticus*), vöröshátú erdeipocok (*Myodes glareolus*) – területhasználatát vizsgáltuk.

Az év folyamán márciustól-augusztusig havi 5 napos mintavételi periódusokban, fogás-jelölés-visszafogás módszerével végeztük a csapdázást. Az erdőrezervátum területén 10 különböző erdőfoltban, egyenként 6×6-os csapdakonfigurációjú (25×25 m) mintakvadrátot jelöltünk ki. A fajok fogási adatainak változását az elkülönített erdőképkorosztályok és az egyes mintakvadrátok, valamint az időbeli periódusok alapján értékeltük. Minden területen a legmagasabb átlagos fogásszámmal a sárganyakú erdeieger volt jellemző, mind a 6 hónapban. A cserjeszint borításának meghatározó szerepe volt a fogásszámok alakulásában. A nagymértékű cserjeszint-borítással rendelkező foltokban magasabb fogásszám értékeket regisztráltunk.

A területhasználatot a habitat niche-szélesség, -átfedés és az Ivlev-féle habitat preferencia alapján vizsgáltuk. Számításainkat a mintavételi területek, illetve az 5 erdőképkorosztály szerinti csoport alapján is elvégeztük. Az erdőképkorosztályok alapján a sárganyakú erdeieger átlagos niche-szélessége szignifikánsan kisebb volt, mint a másik két faj esetében. A 10 mintaterület figyelembevételével a fajok közötti habitat niche-átfedés értékek varianciaanalízise alapján a közönséges erdeieger és az erdei pocok közötti niche-átfedés szignifikánsan kisebb volt, mint a sárganyakú erdeieger és az előbbi két faj között.

A három koegzisztens faj fogási adatainak változását az elkülönített erdőképkorosztályok és az egyes mintakvadrátok alapján, valamint az időbeli periódusok (hónap, szezon) hatásának függvényében általánosított lineáris regressziós modellekkel (GLM) vizsgáltuk. A modellek eredményei alátámasztották a fogási adatok értékelése során tapasztaltakat.

A 10 mintakvadrát alapján elvégzett Ivlev-féle habitat preferencia számítások eredményei azt mutatták, hogy a sárganyakú erdeieger kevesebb alkalommal mutatott szignifikáns pozitív foltpreferenciát, mint negatívát. A legtöbb esetben az Ivlev-érték nem tért el a nullától. Az erdei pocoknál és a közönséges erdeiegernél a legnagyobb számmal szignifikáns negatív preferenciát mutattunk ki.

---

**SOMOGYI BALÁZS**

Biológia BSc, 3. félév  
Pécsi Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

**MORVAI ANITA**

Biológia  
BSc, 5. félév  
Pécsi Tudományegyetem,  
Természettudományi Kar

**HÁRSÁGYI DOROTTYA**

Biológia BSc, 5. félév  
Pécsi Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Horváth Győző  
egyetemi adjunktus, PTE TTK*

---

**A vörös róka (*Vulpes vulpes*) opportunistá predációs viselkedésének hatása a  
kisemlősök csapdázási eredményeire**

A vörös róka csapdázásra, illetve a kisemlős populációk demográfiai változására gyakorolt hatásának vizsgálatában három hipotézist teszteltünk. A predációs hatáson kívül további három csapda-inaktivitási tényezőt (csapdahiba, megszökött állat, elsütött csapda) regisztráltunk. Az első nullhipotézisünk (H10) az volt, hogy a nem predált inaktív csapdák esetszáma nem független a vörös róka által predált csapdák esetszámától. A korrelációs számítások alátámasztották a nullhipotézist, vagyis a róka kereső viselkedés következtében hatással volt az útjába eső üres csapdákra is, növelve az inaktív csapdák eset-számát.

A második nullhipotézisünk (H20) szerint a vörös róka által predált csapdák túlnyomó részében nem volt befogott állat. Ehhez a vizsgálathoz a legsűrűbb vegetációjú újraerdősödő területen kijelölt 5. kvadrát adatait használtuk referenciaként. A statisztikai számítások igazolták, hogy a többi területhez képest itt volt a legkisebb a ragadozó csapdapredációjának mértéke. Azt feltételeztük, hogy amennyiben a zsákmánykínálat kiegyenlített, akkor a ragadozó túlnyomórészt olyan csapdát predált, melyben zsákmány volt. Az 5. kvadrát aktív csapda esetszám (A) gyakorisági értékei és a többi mintaterület aktív és predált csapda esetszámainak (A+P) összege közötti statisztikai tesztel az alternatív hipotézist (H2A) fogadtuk el, vagyis a vörös róka által predált csapdák túlnyomó részében volt befogott állat.

Harmadik hipotézisünk (H30) volt, hogy a róka csapdapredációja nincs hatással a kisemlősök demográfiai viszonyaira. A kérdést a domináns sárganyakú erdei egér (*Apodemus flavicollis*) és a szubdomináns vöröshátú erdei pocok (*Myodes glareolus*) fogási paramétereinek predációs hatás függvényében történő értékelésével vizsgáltuk. A 4 alapfogási paraméter értéke az új egyedek számának kivételével szignifikánsan negatívan korrelált a predációs hatás arányával. A fogási alapadatokból továbbá három származtatott paraméter (visszafogási ráta, MNA, *turnover index*) alapján értékeltük a fogás-visszafogás módszer hatékonyságát, illetve a két karakter faj demográfiai mintázatát. A csapdapredáció mértékének növekedésével mindhárom származtatott paraméter szignifikánsan negatívan korrelált. Eredményeink azt mutatták, hogy a csapdába fogott állatok zsákmányolására átváltó róka predációja a visszafogási értékekre volt a legnagyobb hatással, így a ragadozó opportunistá predációs viselkedése nagymértékben csökkentette a fogás-visszafogás módszer hatékonyságát.

---

**SOÓS GÁBOR**

Környezettan BSc

BSc, 5. félév

Eszterházy Károly Főiskola

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Varga János*

*főiskolai docens, EKF TTK*

---

### **Ornitológiai vizsgálatok a fokozottan védett Fás-ér területén**

Kutatómunkánk témája a Tisza-tó madárvilága, illetve ennek különleges része, a Fás-ér vízimadár kolóniája. A terület a Tisza-tavi Madárrezervátum részét képezi, ami a Hortobágyi Nemzeti Park részterületeként az UNESCO Világ Kulturális és Természeti Örökségének listájára került. A rezervátum és a kiválasztott kutatási terület természetvédelmi jelentőségét fejezi ki, hogy része a Ramsari Egyezménybe foglalt vizes élőhelyeknek, illetve a Natura 2000 hálózatának. A terület igazi értékét, a területen – és annak közvetlen környezetében – fészkelő védett és fokozottan védett madárfajok adják.

A terület Magyarország Észak-Magyarországi Régiójában, Heves-megyében a Kiskörei-víztározó Tiszavalki-medencéjében helyezkedik el. Kizárólag vízi útvonalon közelíthető meg, Poroszlótól ÉK-i irányban 3,7 km-re, Tiszavalktól DNy-ra 2,9 km-re fekszik, GPS koordinátái északi szélesség 47°40'08", keleti hosszúság 20°43'09".

Kutatómunkám immár másfél éve végzem a Táj kutatások-Természetvédelem Tehetség-gondozó Műhely keretében. Az OTDK pályamunka a rendelkezésre álló információk feldolgozását foglalja magába, melyek szóbeli közlés alapján, illetve saját megfigyeléseinken alapulnak, de több hasznos információt szereztünk különböző irodalmak felhasználásával is. Elkészítettük a terület 3 dimenziós topográfiai térkép modelljét. Összeállítottunk egy 17 fajt felsorakoztató fajlistát hazai és nemzetközi védettségi státuszaik megjelölésével az egyes fajokra vonatkozóan. Meghatároztuk a vizsgált fajok táplálkozásbiológiai és anyagforgalmi guildjeit, és ezen információk alapján táblázatba rendeztük őket. Az egyes madárfajok táplálkozási guildekbe rendezéséhez bentosz mintákat is vettünk a területről, mivel a vizsgált madárfajok között előfordulnak bentosz eredetű táplálékot hasznosítók is. A terepi kiszállások és megfigyelések a fészkelési, fiókanevelési és táplálkozási szokások vizsgálatára irányultak. A terepen végzett munka részét képezték a mintavételezések is, melyek során víz- és ürülékmintát vettünk a területről melyeket laboratóriumban dolgoztunk fel. Vizsgáltuk a vízminták pH-ját, vezetőképességét, nitrít-, nitrát- és ammónium tartalmát. Ezek alapján kerestünk kapcsolatot a guanó és környezetére gyakorolt hatása között.

Kutatómunkánk célja ezekkel a vizsgálatokkal és megfigyelésekkel az, hogy ismertes-sük az egyes fajokat, illetve hogy bővítsük ismereteinket a madárkolóniákról, mert véleményünk szerint ez egyaránt fontos a tudomány, a természetvédelem és az ökoturizmus szempontjából.



---

**SZABÓ BORBÁLA**

Biológus

MSc, 1. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Bakonyi Gábor*

*egyetemi tanár, SZIE MKK*

---

**A Trebon 10 F növényvédő szer generációkon átívelő hatásai a *Folsomia candida* (*Collembola*) fajon**

Az ugróvillások fontos szerepet töltenek be a talajok anyagforgalmában, ezért az inszekticidek rájuk gyakorolt mellékhatásait is meg kell ismerni. Kísérleteimben a Trebon 10 F nevű inszekticid hatásait vizsgáltam a *Folsomia candida* Willem (*Collembola*) faj mortalitására, reprodukciós képességeire, táplálékválasztására és növekedésére.

A juvenilis produkció esetében szignifikáns dózisfüggő hatást találtam. A mortalitás nem mutatott dózisfüggést a vizsgált koncentrációkban. A Trebon szántóföldön használt koncentrációját, annak tizedét, illetve tízszeresét teszteltem reprodukciós, táplálékválasztási és növekedési vizsgálatokkal. A generációkon átívelő hatásokat kerestem.

A táplálékválasztási kísérletekben élesztőt és kukorica levéldarálékot kínáltam fel az állatoknak. Az élesztő igen jó minőségű táplálék, a kukorica kevésbé. Az élesztőt a legtoményebb koncentrációval kezelt csoportok, és a második generációban a kezelt csoportok preferálták, a nem kezelt csoportok nem válogattak. A Trebonnal jobban terhelt állatoknak valószínűleg szüksége van a jobb minőségű táplálékra. A harmadik generációban a csoportok nem válogattak. Ez erősíti a feltételezést, hogy a szer hatásának eltűnéséhez két generáció elég.

A reprodukciós kísérletekben a peteszámra szer nem volt hatással. A peteátmérő azonban a szülőgenerációban csökkent, az utódgenerációban nőtt a koncentráció növekedésével. Az átmérők arányára a szülőgenerációban volt hatása a Trebonnak, de az utódgenerációban nem.

A növekedésvizsgálat kimutatta, hogy a növekedési görbék között a nem kezelt utódok esetén van különbség. A testhossz esetén marginálisan szignifikánsan nő az átlag emelkedő koncentrációnál, a testszélesség pedig szignifikánsan jobban nő magasabb koncentráció esetén. A napokra levetített relatív növekedés a szülőknél marginálisan szignifikánsan csökken a koncentráció emelkedésére. A nem kezelt utódoknál viszont szignifikánsan csökkent.

Az eredmények alapján felvetem azokat a hipotéziseket, hogy a szülőgeneráció csökkenti a befektetését az utódokba rossz körülmények között, az *F. candida* képes valamilyen módon információt szolgáltatni az utódoknak a környezetről, így az utódok képesek ahhoz alkalmazkodni. Felvetődik még az a hipotézis is, hogy a reprodukciós tesztben az utódgeneráción egy kezdeti rezisztencia jelei mutatkoznak.

Összefoglalva, ez a vizsgálat kimutatta, hogy a Trebon hatással van a *F. candida* reprodukciójára, növekedésére és táplálékválasztására, mely több generáción is átívelő hatás.

---

---

## ÁLLATÖKOLÓGIA II.

**2013. április 3., SZTE Biológiai épület, Bartucz Lajos terem, 13:00-15:30**

**Zsűri: Dr. Hornung Erzsébet, Dr. Földvári Mihály, Dr. Torma Attila**

- 13:00-13:15      **Gál Júlia Tünde** (SZIE ÁOTK): Kitridiomikózis vizsgálata egy magas-bakonyi vizes élőhely kétélűközösségén
- 13:15-13:30      **Hammer Tamás** (PE MK): Billegető cankók (*Actitis hypoleucos*) élőhely-választásának részletes vizsgálata a Rábán
- 13:30-13:45      **Jablonszky Mónika** (SZIE ÁOTK): A *Borrelia burgdorferi sensu lato* ökológiai és járványtani vizsgálata a Margit-szigeten
- 13:45-14:00      **Kis Olga** (DE TTK): A *Chalcolestes* génusz (KENNEDY, 1920) morфомetriai jellemzése két magyarországi imágópopuláció
- 14:00-14:30      szünet
- 14:30-14:45      **Kolcsár Levente-Péter** (BBTE BGK): Standard DNS-technikák tesztelése fajhatárok felismerésére és jellemzésére a szőrös szemű iszapszúnyogok (*Pediciidae*, *Diptera*, *Insecta*) esetében
- 14:45-15:00      **Otártics Máté Zsolt** (KE ÁTK): Egy heterogén erdőállomány szárazföldi ászkarák-közösségeinek (*Isopoda: Oniscidea*) ökofaunisztikai vizsgálata
- 15:00-15:15      **Rácz Arnold, Saller Orsolya** (PTE TTK): A sárganyakú erdei egér (*Apodemus flavicollis*) populációdinamikája a robusztus és a nyílt populációbecslés összehasonlításával
- 15:15-15:30      **Tarcai Zsolt** (SZIE MKK): Az 5-fluorouracil ökotoxicitásának vizsgálata a zebradánió (*Danio rerio*) korai életszakaszában

---

---

**GÁL JÚLIA TÜNDE**

Biológus

MSc, 1. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezetők:*

*dr. Vörös Judit*

*főmúzeológus, Magyar Természettudományi Múzeum*

*Szabó Krisztián*

*tudományos segédmunkatárs, SZIE ÁOTK*

---

### **Kitridiomikózis vizsgálata egy magas-bakonyi vizes élőhely kétélűközösségén**

A *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd) rajzóspórás gombafaj jelenléte hazánkban 2004 óta ismert. A fertőzött területeken élő populációk közül előzetes vizsgálatok alapján, a magas-bakonyi Itharkúton élő sárgahasú unka (*Bombina variegata*) állomány fiatal egyedei között volt a legmagasabb a fertőzöttségi arány. Kutatásunk célja az volt, hogy részletesebben megvizsgáljuk ezt a fertőzött területet és megválaszoljuk, mely fajok és mely fejlődési stádiumok a legfogékonyabbak a kitrid gombára a kétélűközösségen belül. Továbbá elemeztük, hogy a patogén fertőzöttségi aránya (prevalencia), intenzitása és abundanciája mutat-e szezonális különbségeket.

A vizsgált 215 egyed közül 24-en mutattuk ki a Bd-t (20 *Bombina variegata* és 4 *Pelophylax* sp.), ugyanakkor egy esetben sem ismertük fel a kitridiomikózis klinikai tüneteit terepmunkánk során és elpusztult példányokat sem találtunk. A teljes közösségben az egész vizsgálati időszakra vetített átlagos fertőzöttségi arány 11,2% volt. A legmagasabb prevalencia értékeket továbbra is a sárgahasú unka populáció fiatal egyedei mutatták (37%). Elemzéseink azt mutatták, hogy a sárgahasú unka nagyobb valószínűséggel hordozzák a gombát, míg a „zöld békák” (*Pelophylax* fajcsoport) érintett példányai között intenzívebb fertőzöttséget találtunk. A *B. variegata* részletesebb vizsgálatakor bizonyítékot találtunk arra, hogy tavasszal mind a fertőzöttségi arány, mind az intenzitási értékek magasabbak voltak a populációban.

---

**HAMMER TAMÁS**

Környezettan BSc

BSc, 7. félév

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Szentirmai István*

*osztályvezető, Természetmegőrzési Osztály, Őrségi Nemzeti Park Igazgatóság,*

*Őriszentpéter*

*Dr. Liker András*

*egyetemi tanár, PE MK*

---

**Billegető cankók (*Actitis hypoleucos*) élőhely-választásának részletes vizsgálata a Rábán**

Az Őrségi Nemzeti Park monitoring programja keretében a Rábán előforduló billegető cankó állomány méretét és élőhelyválasztását vizsgáltam. Az állományfelmérés 2008, 2009, 2011 és 2012 nyarán történt a Rába 47 km-es szakaszán. Ennek során rögzítettem a folyó partvonalala mentén megfigyelt egyedek számát és előfordulási helyét. A vizsgált folyószakaszt 1 km-es szakaszokra osztottam fel, majd a szemmel jól lehatárolható élőhely-típusok (vegetáció, folyó, zátony, egyéb) arányát minden egyes szakasz esetében digitalizált térképről mértem. Ezen felül felmértem a szakaszokon található zátonyok számát és területét, a kanyarok számát, a szakaszok távolságát a folyóra telepített vízi-erőművektől és a folyó mentén található településektől. A 2012-es évben egy részletes terepi élőhelytérképezést végeztem, melynek során a folyó mentén található növényfajták előfordulási gyakoriságát, valamint a horgász helyek és partfalerősítések számát jegyeztem fel. Az egyes környezeti változók és a madarak előfordulási helye és egyedszáma közötti kapcsolatokat statisztikai módszerekkel vizsgáltam. Az elemzések alapján elmondható, hogy a madarak nagyobb számban fordulnak elő (1) a nyílt, természetes növénytakaróval kevésbé sűrűn benőtt, (2) a nagyobb számú és területű zátonyokkal rendelkező és (3) emberi hatástól mentesebb folyószakaszokon. A vizsgálat eredményei felhasználhatók a Rába jövőbeni természetvédelmi kezeléséhez.

---

**JABLONSKY MÓNKA**

Biológus

MSc, 9. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Földvári Gábor*

*egyetemi adjunktus, SZIE ÁOTK*

*Rigó Krisztina*

*PhD-hallgató, SZIE ÁOTK*

---

**A *Borrelia burgdorferi sensu lato* ökológiai és járványtani vizsgálata a Margit-szigeten**

A Lyme-borreliosis az északi félteke leggyakoribb kullancsok által terjesztett betegsége. Az ezt okozó baktériumok, a *Borrelia burgdorferi sensu lato* fajcsoport egyes tagjai sokféle gerinces gazdában fennmaradhatnak a természetben. Vizsgálatunk célja az volt, hogy megállapítsuk, hogy a margit-szigeti sünökben és az ezekről illetve a növényzetről gyűjtött különböző fajú kullancsokban is jelen van-e a fertőzés és felbecsüljük a fertőzés humán egészségügyi jelentőségét is.

2009-től 2011-ig gyűjtöttünk be sünöket havonta, a téli hónapok kivételével. Az állatokat lemértük és eltávolítottuk róluk a kullancsokat és a bolhákat, illetve 2010-ben és 2011-ben szövetmintát is vettünk a fülükből. A növényzetről zászolózással gyűjtöttünk kullancsokat. Az ektoparazitákat meghatároztuk, a kullancsokból alkalikus hidrolízissel, a szövetmintákból DNS kivonó kittel kivontuk a DNS-t és polimeráz láncreakció illetve gélelektroforézis segítségével megállapítottuk, hogy fertőzöttek-e *Borrelia*-val. A pozitív minták egy részét megszekvenáltattuk.

A három év folyamán 384 sünről 9371 kullancsot és 1380 bolhát gyűjtöttünk össze. A három évre viszonyítva a sünök kullancsfertőzöttségének prevalenciája 78,13%, a fertőzöttség medián intenzitása 18 volt. A meghatározott bolhákból 1374 az *Archaeopsylla erinacei*, 6 a *Ctenocephalides canis* fajba tartozott. A sünök bolha-fertőzöttségének prevalenciája 54,70%, medián intenzitása 4 volt. A növényzetről 1467 az *I. ricinus* fajba tartozónak bizonyuló kullancsot szedtünk össze. A sünökről gyűjtött kullancsokban 10,85%-os volt a minimum prevalencia *B. burgdorferi* s. l.-ra, a zászolózással összegyűjtött kullancsokban pedig 12,95%. A növényzetről gyűjtött kullancsokban *Borrelia afzelii*-t, a szövetmintákban *B. afzelii*-t és *B. spielmanii*-t, a sünökről gyűjtött kullancsokban *B. afzelii*-t és *B. garinii*-t is azonosítottunk. A sünök 92,5%-a bizonyult *Borrelia*-pozitívnak, amely nemzetközi összehasonlításban is igen magas arány.

A Margit-sziget kedvelt városi parkja Budapestnek, amelyet hetente több ezer magyar és külföldi látogat. Az itt élő sünök vizsgálataink alapján fertőzhetik a rajtuk gyakran vért szívó kullancslárvákat és -nimfákat, melyek a következő stádiumukba jutva emberre is kerülhetnek, és betegséget okozhatnak. Kérdőíves felmérésünk szerint a Margit-szigeten a relatíve sok fertőzött kullancs ellenére Lyme-kórral fertőződők száma nem jelentős, mivel azok nagy része a borostyános területeken van, ahol az emberek nem, vagy csak ritkán tartózkodnak.

---

## KIS OLGA

Hidrobiológus

MSc, 11. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:

Dr. Dévai György

professor emeritus, DE TTK

---

### A *Chalcolestes* génusz (KENNEDY, 1920) morfometriai jellemzése két magyarországi imágópopulációban

A *Chalcolestes* és a *Lestes* génuszba egyaránt besorolt, s fajként, ill. alfajként is tárgyalt *viridis* (VAN DER LINDEN, 1825) és *parvidens* ARTOBOLVSKII, 1929 taxonok esetében több kérdés is foglalkoztatja az odonatóológusokat. Az eddigi irodalmi adatokból és tereptapasztalatokból arra lehet következtetni, hogy Magyarország nyugati és északi peremén a két taxon közül főleg a *viridis* fordul elő, míg az ország többi részén inkább a *parvidens*. Mindkét területről előkerülnek azonban inkább a másik taxonhoz sorolható, vagy a kettő közötti átmenetet mutató példányok is.

Munkám során két különböző területről, a Bódva-völgyéből (Tornanádaska) és a Dél-Nyírségből (Debrecen) származó egy-egy populáció 15-15 hím és nőstény egyedének összehasonlító morfometriai elemzését végeztem el. A testalkatbélyegek közül mértük a teljes test- és potrohhosszat, a fejen öt, a lábon kettő, a tor oldalfoltnyúlványán négy, a hímek potrohvégfüggelékén 12, a nőstények potrohvégein pedig hét bélyeget. A szárnyakon mértünk nyolc kijelölt pont között kilenc távolságot, számoltuk három sejtsorban a haránttereket és hét sejtsorban a sejteket. Az értékeléshez kanonikus diszkriminancia-analízist (CDA), főkomponens-analízist (PCA) és klaszteranalízist használtunk.

Az adatsorok összehasonlító értékelésével megállapítható, hogy a vizsgált bélyegek átlagértékei alapján a két populáció a legtöbb esetben jól elkülönül egymástól, de a minimum- és a maximumértékek tekintetében sok bélyegnél átfedés tapasztalható. Ezt a nem teljes mértékű elkülönülést mutatják a klaszteranalízissel kapott eredmények is. A diszkriminanciaanalízis a két populációt mindkét ivarnál és mindegyik bélyegcsoport alapján elég jól elkülönítette egymástól. A testalkatbélyegekre elvégzett főkomponens-analízis azt mutatja, hogy a hímek és a nőstények szórásfelhői közel azonos nagyságúak, átfedésük jelentős, s a hímeknél kisebb mértékű, mint a nőstényeknél. A szárny bélyegeinél a szórásfelhők átfedése közepes, s mértéke a méretek esetében a hímeknél, a sejt- és érszámok esetében pedig a nőstényeknél valamivel kisebb. A tor oldalfoltnyúlványának bélyegei esetében csak a hímeknél van csekély mértékű átfedés.

Eredményeimet összegezve megállapítható, hogy a két populáció nem válik el teljesen egymástól, mivel mindkét populációban vannak olyan egyedek, amelyeket nem lehet egyértelműen az 'a priori' adottnak vett taxonba besorolni.



---

**KOLCSÁR LEVENTE-PÉTER**

Ökológia és környezetvédelem

BSc, 6. félév

Babes-Bolyai Tudományegyetem

Biológia-Geológia Kar

*Témavezető:  
dr. Ujvárosi Lujza  
adjunktus, BBTE*

---

**Standard DNS-technikák tesztelése fajhatárok felismerésére és jellemzésére a szőrös szemű iszapszúnyogok (*Pediciidae*, *Diptera*, *Insecta*) esetében**

A mitokondriális citokróm c-oxidáz I génjének 658 bp szakaszát gyakran használják divergens genetikai struktúrák azonosítására és új fajok leírására. Bár ez a módszer a legtöbb rovarcsoportnál már bevett módszer mégis a szőrös szemű iszapszúnyogok esetében alig alkalmazzák. Kutatásunk során azt teszteltük, hogy a *Pediciidae* család esetében a standard mtDNS szekvenciák mennyire alkalmasak fajhatárok tesztelésére, ismeretlen lárvaformák azonosítására és a fajok közti rokonsági kapcsolatok feltárására. Taxonómiai elemzésünk során 8 esetben sikerült eddig ismeretlen lárva-alakokat kifejelettekkel társítani. A lárvák morfológiai összehasonlítása azt mutatta, hogy a rágók, a hiposztómális lemez, a prementum és az állkapcsok használhatók a génuszok, algénuszok illetve a fajok elkülönítésére. A DNS alapú taxonómiai vizsgálataink a *Dicranota* (*Paradicranota*) lucidipennis esetében jelentős kriptikus diverzitást és egy eddig ismeretlen taxon jelenlétét igazolta az Erdélyi-Szigethegységből, mely valószínűleg a *D. (P.) mikiana* formakörhöz tartozik. Eredményeink igazolják a mtDNS szakaszok alkalmasságát a *Pediciidae* családba tartozó fajok taxonómiai hipotéziseinek tesztelésére, a kifejelettt formáknak a lárva alakokkal való társítására, de emellett a kriptikus diverzitás kimutatására és a filogenetikai kapcsolatok feltárására is.

---

**OTÁRTICS MÁTÉ ZSOLT**

Természetvédelmi mérnöki

BSc, 5. félév

Kaposvári Egyetem

Állattudományi Kar

Témavezető:  
Dr. Farkas Sándor  
egyetemi docens, KE ÁTK

---

**Egy heterogén erdőállomány szárazföldi ászkarák-közösségeinek (*Isopoda*:  
*Oniscidea*) öko-faunisztikai vizsgálata**

Kutatásom célja egy heterogén erdő különböző állományaiban (tölgyesek, akácosok, fenyves, gyomvegetáció) élő szárazföldi ászkarák-közösségek (*Isopoda*: *Oniscidea*) öko-faunisztikai összehasonlítása volt. Ezen belül a mintavételi helyek fajkészletét, a közösségek dominanciastruktúráját és diverzitását vetettem össze. A vizsgálatokat a Kaposvár melletti Deseda-tó mentén elhelyezkedő Községi erdőben végeztem. A hét mintavételi helyen elhelyezett, kilenc-kilenc Barber típusú csapda ürítésére háromhetente került sor, 2011 márciusától novemberig. Összesen 11 faj 8913 példánya került elő. Az összesített mintában legnagyobb arányban a *Protracheonicus politus* (78,97 %) szerepelt, mely a Községi erdő domináns ászkafajának tekinthető. Minden mintavételi helyen előfordult. Jelentős volt még a *Porcellium collicola* (13,03 %), a *Trachelipus rathkii* (4,49 %) és a *Trachelipus ratzeburgii* (1,93 %) részesedése is. A többi faj alacsony (1-50) egyedszámban volt jelen a mintákban. Ezek egy része (*Haplophthalmus danicus*, *Hyloniscus riparius*, *Trichoniscus provisorius*) talajlakó, vagy korhadó rönkökben él és így talajcsapdázással gyűjtött adataik alulreprezentáltak a teljes mintában. Az egyes élőhelyeken átlagosan 6 faj egyedeit találtam meg. A legmagasabb fajszámot (7 faj) az akácosokban és az egyik tölgyesben, a legkisebbet (5) egy tóparti tölgyesben tapasztaltam. Az élőhelyek egész éves, összesített adatainak összehasonlítása során, a Sørensen-képlettel végzett számításokon alapuló hierarchikus *cluster*-analízis eredményei szerint, az "akác 1" és a "tölgyes alja" mintahelyek fajkészlete teljesen megegyezett, de ezektől nem tért el nagy mértékben az "akác 2", a "fenyves" és a "tölgyes tópart" sem. A többi mintahelyhez viszonyítva a legnagyobb eltérést a "tölgyes tetőn" és a gyomvegetációban figyeltünk meg, tehát azonos erdőtípusoknak lehet eltérő és különböző erdőtípusoknak azonos fajkészletű ászkaközössége. A gyomos vegetáció különbözött legnagyobb mértékben a többi élőhelytől, faj- és egyedszám tekintetében is. Ugyanakkor, a legmagasabb Shannon-diverzitás értékek is ezen a mintavételi helyen adódtak. Rényi-féle diverzitási rendezéssel elemeztem mintavételi helyenként az egész éves, összesített adatokat és az egyes mintavételek adatait is. Az összesített adatok diverzitási profiljai szerint, a gyomvegetáció mind fajszám, mind egyenletesség szempontjából a legdiverzebb élőhelyek közé tartozott. A többi élőhely függvényeinek lefutása hasonló volt.

---

**RÁCZ ARNOLD**Biológia  
BSc, 5. félévPécsi Tudományegyetem  
Természettudományi Kar**SALLER ORSOLYA**Biológia  
BSc, 5. félévPécsi Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Horváth Győző  
egyetemi adjunktus, PTE TTK*

---

### **A sárganyakú erdeiegér (*Apodemus flavicollis*) populációdinamikája a robusztus és a nyílt populációbecslés összehasonlításával**

A Kőszegi-forrás erdőrezervátum területén 10 különböző vegetációjú erdőfoltban 2011-ben csapodázott domináns sárganyakú erdeiegér (*Apodemus flavicollis*) demográfiai mintázatát értékeltük. A magterületen 4, a pufferezónában 6 kisméretű (6×6) csapdahálóval végeztük a mintavételezést. A mintavétel öt éjszakai periódusokban márciustól szeptemberig tartott. Alapvető kérdésünk az volt, hogy a kisterületű kvadrátok fogás-visszafogás adatai mennyiben alkalmasak különböző létszámbecslési modellek lefuttatására, a különböző demográfiai paraméterek megbecslésére, illetve mely modelleknek nagyobb az érzékenysége a vizsgált faj élettörténeti mátrixainak időbeli, illetve térbeli variabilitásra.

A vizsgált faj havi abundancia értékeit három különböző metodikával adtuk meg. Populációs indexként a „minimum ismert egyedszámot” (MNA) adtuk meg, majd nyílt és robusztus módszer alapján készített fogástörténeti mátrix alapján becsültük az egyes kvadrátokra vonatkoztatott populáció méretét. A nyílt becsléshez a POPAN módszert alkalmaztuk, amely az elsődleges mintavételi periódusokra, azaz a hónapokra származtatott mennyiségként adja meg a populációméret becsült értékét, míg az alkalmazott Kendall-féle robusztus módszer zárt modellek alapján közvetlenül becsült értékeket ad meg. A három különböző módszerrel kapott abundancia értékek páronkénti rangkorrelációs tesztje azt mutatta, hogy a mintaterületek többségénél az MNA és a robusztus becsléssel kapott értékek szorosan korrelálnak. Ezekhez az értékekhez képest a nyílt becslő több időperiódusban jellemzően túlbecsülte a lokális mintázott populációk méretét és több erdőfolt esetén a nyílt becslés abundancia értékei nem korreláltak a másik két módszerrel megadott létszámértékkel. A hónapok összehasonlításában az MNA és robusztus módszer alapján kaptunk szignifikáns különbséget az abundancia értékekben, míg a nyílt becslés a mintaterületek közötti különbséget tárta fel és bizonyította.

Eredményeinkből arra következtettünk, hogy a POPAN-féle nyílt becslő a fogás-visszafogás adatok térbeli variabilitására érzékenyebb volt, mivel jelentős szerepet tulajdonít a szuperpopuláció és a megfigyelt terület között egyedek kicserélődésének. Ezek a folyamatok a kisméretű kvadrátok esetén még inkább reálisak. A kétrétegű mintavételzésen alapuló robusztus módszer, valamint az MNA index értékei nem tükrözték a különböző térbeli lokalitások variabilitását, azonban a demográfia időbeli mintázatát azonos módon írták le.

---

**TARCAI ZSOLT**

Ökotoxikológus

MSc, 4. félév

Szent István Egyetem

Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Kovács Róbert*

*tanszéki mérnök, SZIE MKK*

*Dr. Csenki Zsolt*

*tanszéki mérnök, SZIE MKK*

---

**Az 5-fluorouracil ökototoxicitásának vizsgálata a zebradánió (*Danio rerio*) korai életszakaszában**

Xenobiotikumok környezetbe juttatása egyre nagyobb aggodalommal tölti el a köz és tudományos szférát, ezért növekvő figyelmet fordítanak az ilyen anyagok kockázatának felméréséhez. Az ilyen vizsgálatok nélkülözhetetlen eleme az ökotoxikológiai vizsgálatok elvégzése, melyet törvényileg megkövetelnek a hatóságok. Számos olyan feltáratlan hatású, a humán és állat gyógyászatban alkalmazott készítmény és hatóanyag jut ki a környezetbe, melyekről kevés információval rendelkezünk. Az egyik ilyen kevésbé vizsgált vegyület csoport a kemoterápiás hatóanyagok csoportja.

Az 5-fluorouracil egy olyan antimetabolikus hatású kemoterápiás szer, mely a nukleinsav szintézis gátlása révén akadályozza meg a rákos sejtek növekedését. Mivel a szer citosztatikus hatással rendelkezik, ezért környezetbe jutása és nem célszervezetekre kifejtett hatása komoly problémákat okozhat a különböző szervezetekben. Az utóbbi években sajnos egyre nagyobb mennyiségben alkalmaznak daganatellenes hatóanyagokat, melyek környezetbe jutása immár nem csak a kórházak szennyvizével, de a kommunális szennyvizekkel is történik, leginkább az otthoni – tablettás – kezelések terjedése miatt. A vizsgálatom célja egy széles körben alkalmazott kemoterápiás hatóanyag, az 5-fluorouracil ökototoxicitásának felmérése a zebradániók (*Danio rerio*) korai életszakaszában. A vizsgálat végpontjai a mortalitás, az embrionális torzulások, az ikrából történő kelés idejének változása, valamint a testtömeg és a testhossz mérése voltak. További cél volt a LOEC, NOEC, LC50, és EC50 értékekkel kifejezni az 5-fluorouracil toxicitását. A FET teszt során az LC50 érték 72 órás expozíció esetében 2441,6 mg/l volt. A mortalitás és a torzulások megjelenésének tekintetében a LOEC a 2000 mg/l-es koncentráció volt. A krónikus vizsgálat során 7 koncentrációt és két kontrollt (vizes, K és oldószeres, DMSO) alkalmaztunk. A koncentrációsor 10 ng/L-ről indult és egy nagyságrenddel növekedett 10 mg/l-ig. A mortalitás esetében a kontrollhoz képest csak a legnagyobb koncentráció mutatott igazolható eltérést. A nedves testtömeg és a száraz testtömeg mérésénél az 1 mg/L és 10 mg/L-es koncentrációknál volt igazolható az eltérés. Egyik csoportban sem volt eltérés a lárvák kelésében. A testhossz vizsgálatoknál az 1 és 10 mg/L koncentráció egyedei mutatottak statisztikailag igazolható növekedést a kontroll egyedekhez képest. A munka az Európai Unió 7. kutatási keretprogramjának 265264 szerződés-számú CYTOTHEAT projektje támogatásával valósult meg.

---

## BIOINFORMATIKA

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-429 terem, 13:00-15:15

Zsűri: Dr. Rákhely Gábor, Dr. Papp Balázs, Dr. Tukacs Edit

|             |  |
|-------------|--|
| 13:00-13:15 | <i>Ács Veronika (ELTE TTK):</i> A rendezetlenség szerepe a korai STOP kodonnal rendelkező mRNS-ek degradációjában                |
| 13:15-13:30 | <i>Dobson László (PPKE ITK):</i> Egy kiválasztott, magányos töltött alfa-hélixet tartalmazó fehérjecsalád evolúciójának elemzése |
| 13:30-13:45 | <i>Dúl Zoltán, Módos Dezső (SE FTK):</i> Hálózati motívumok azonosítása és elhelyezkedése a jelátviteli útvonalak hálózatában    |
| 13:45-14:15 | szünet   |
| 14:15-14:30 | <i>Hatos András (PPKE ITK):</i> Az amiloidképző fehérjeszakaszok részletes bioinformatikai vizsgálata                            |
| 14:30-14:45 | <i>Kirsch Klára (BMGE VBK):</i> Döntéshozó rendszer fejlesztése rákos betegek molekulárisan célzott egyénre szabott terápiájához |
| 14:45-15:00 | <i>Lakatos Eszter (PPKE ITK):</i> Miozin vastag filamentumok morfológiájának atom-erő-mikroszkópos vizsgálata                    |
| 15:00-15:15 | <i>Veres Dániel (SE ÁOK):</i> ComPPI: kompartmentalizált fehérje-fehérje kölcsönhatási adatbázis                                 |

---

---

**ÁCS VERONIKA**

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Kalmár Lajos*

*tudományos főmunkatárs, MTA TTK Enzimológiai Intézet*

---

### **A rendezetlenség szerepe a korai STOP kodonnal rendelkező mRNS-ek degradációjában**

A Nonsense-mediated mRNA-decay (NMD) eukariótákra jellemző citoplazmatikus ellenőrző folyamat, amely a korai STOP kodonnal (PTC) rendelkező mRNS-eket ismeri fel és degradálja, megakadályozva így a csonka, nem megfelelően működő fehérjék keletkezését. Az NMD-nek többféle mechanizmusa is ismert, amelyek elsősorban a felismerés alapjében különböznek. Élesztőben és férgekben az úgynevezett *downstream sequence elements* (DSE) segítségével, rovarokban és növényekben a PTC következtében létrejövő extrém hosszú 3'-UTR alapján, míg szintén növényekben és emlősökben a korábbi intronok helyét jelző fehérje-komplexek segítségével ismeri fel a sejt a korai STOP kodonnal rendelkező mRNS-eket.

A három felsorolt NMD-típus számos, egymástól nagy távolságban elhelyezkedő fehérje kapcsolódásán, komplexek kommunikációján alapul. Az NMD-hez szükséges távolságmérésben, így a flexibilitásban vélhetően nélkülözhetetlenek a komplexekből hosszasan kinyúló fehérjeszakaszok, amelyek nagy hidrodinamikai sugara előnyt jelent az olykor igen nagy távolságok áthidalásában (fly casting jelenség) is. Ezek a tulajdonságok elsősorban a rendezetlen fehérjékre, fehérjeszakaszokra jellemzőek.

Jelen munka célja volt a különböző típusú NMD-mechanizmusokban részt vevő fehérjék, illetve azok homológjainak szekvenciális, szerkezeti és funkcionális elemzése, valamint a mechanizmusok összehasonlítása bioinformatikai módszerekkel. Ehhez öt, a témában már jól jellemzett és különböző NMD mechanizmusokkal rendelkező példafajt vettünk alapul (*S. cerevisiae*, *C. elegans*, *D. melanogaster*, *A. thaliana*, *H. sapiens*). Különös hangsúlyt fektettünk a legjobban jellemzett, intron alapú NMD fehérjéinek vizsgálatára, azok rendezetlen szakaszainak megismerésére, valamint a rendezetlen szakaszok lehetséges funkciójának feltárására az NMD folyamatán belül.

Az NMD folyamatában részt vevő fő fehérjék bioinformatikai módszerekkel történő vizsgálata során megállapítottuk, hogy a rendezetlenség mértéke viszonylag magas az NMD-fehérjék körében és a komplexek közötti kölcsönhatásban főként a rendezetlen fehérjék vesznek részt. Elmondható továbbá, hogy a példafajokat tekintve az alacsonyabb rendű élőlények megfelelő fehérjei hasonló, vagy a legtöbb esetben valamivel kisebb mértékű rendezetlenséggel jellemezhetőek, de a szerkezet nélküli szakaszok esetükben is megtalálhatóak és vélhetően fontos szerepet játszanak az NMD folyamatában.

---

**DOBSON LÁSZLÓ**

molekuláris bionika

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Gáspári Zoltán**egyetemi docens, PPKE ITK*

---

**Egy kiválasztott, magányos töltött alfa-hélixet tartalmazó fehérjecsalád  
evolúciójának elemzése**

A fehérjeevolúció során a térszerkezet egyes elemei vagy akár egésze is megváltozhat. Korábbi eredmények alapján valószínűsíthető, hogy három speciális térszerkezeti elem, a *charged single alpha-helix*, a *coiled coil* és a rendezetlen szakaszok viszonylag könnyen egymásba alakulhatnak. A céloom konkrét példákon megvizsgálni az ilyen átalakulások lehetőségét, majd az érintett fehérjék listájának bővítésével átfogó képet alkotni a változások mikéntjéről és az azokat kísérő egyéb evolúciós folyamatokról.

A dolgozatban egy, a fent említett struktúrákkal várhatóan rendelkező fehérjét (NONO Human (*Non-POU domain-containing octamer-binding protein*)/splQ15233) vizsgáltam különböző bioinformatikai szempontok szerint. Többféle módszerrel kerestem térszerkezeti elemeket, illetve ezek mellett összehasonlítást végeztem más fehérjékkel, ahol azt figyeltem, mely konformációk jelennek meg több helyen és hogy ezek milyen összefüggésben vannak egymással és egyéb doménekkal. Az ezekből kapott eredmények alapján alapján filogenetikus fát készítettem, mely alapján evolúciós elemzéseket végeztem. Megkerestem a fehérjét kódoló mRNS-variánsokat és vizsgáltam mely szakaszok kódolják a fehérjét, és melyek vágódnak ki a *splicing* során. A predikciókat összevettem a szakirodalomban olvasottakkal és a már máshol fellelhető részadatokkal. A *coiled coil* szakaszoknál az aminosav sorrend nagyrészt egyezik, így elmondható, hogy a fehérjéken belül egy erősen konzervált részt sikerült találni. A vizsgált fehérjék nagy része a *coiled coil/charged single alpha-helix* szakaszon kívül mutat csak jelentős eltéréseket.

Megállapítható, hogy a vizsgált fehérjéken a *coiled coil* szakasz minden esetben együtt jelent meg két RRM (*RNA recognition motif*) régióval, amelyek így együtt a DBHS (*Drosophila behaviour, human splicing*) domént alkotják. További vizsgálatok illetve a friss szakirodalom rávilágítottak, hogy a *coiled coil* szerkezet a DBHS egyik alkotóeleme.

A látottak megerősítették, hogy térszerkezetek könnyen keresztbe-jósolhatóak, nincs egységes és egyértelmű algoritmus annak eldöntésére, hogy melyikkel állunk szemben. A vizsgálatokat több adatbázis fehérjéin is elvégeztem, ez a részletesebben annotált fehérjéknél megerősítette a már korábban dokumentált eredményeket, és a nem annotált, de az adatbázisokban fellelhető BLAST találatok esetén is jó egyezést kaptam. A jóslások alapján feltételezhető, hogy a vizsgálatok során talált, még nem annotált fehérjék a NONO fehérjecsalád ismert tagjait egészítették.



---

**DÚL ZOLTÁN**

fogorvos  
Osztatlan, 7. félév

Semmelweis Egyetem  
Fogorvostudományi Kar

**MÓDOS DEZSŐ**

Általános Orvos  
Osztatlan, 11. félév

Semmelweis Egyetem  
Általános Orvostudományi Kar

*Témavezető:*

*Földvári-Nagy Lászlóné dr. Lenti Katalin  
egyetemi adjunktus, SE ETK*

---

**Hálózati motívumok azonosítása és elhelyezkedése a jelátviteli útvonalak hálózatában**

A biológiai hálózatokban olyan mintázatok figyeltek meg, amelyek a biológiai aktiváció, szabályzás vagy az adaptáció szempontjából különös jelentőséggel bírnak. Ezeket hálózati motívumoknak nevezték el. A jelátviteli útvonalakban több ilyen motívum is ismert, azonban rendszerszintű összehasonlító vizsgálat még nem készült ezen motívumok elhelyezkedéséről, és tulajdonságaik vizsgálatáról a jelátviteli hálózatban. Ezért a célunk az volt, hogy az emberi jelátviteli útvonalak hálózatában azonosítsuk és elemezzük a 3 fehérjéből álló ún. *feedforward* és *feedback* motívumokat. A vizsgálatokat a korábban a kutatócsoportunk által készített Signa-Link jelátviteli adatbázison végeztük, amely a 8 legfontosabb jelátviteli útvonal fehérjéit és kapcsolatait tartalmazza. A motívumok azonosításához a Cytoscape programot és az ehhez tartozó NetMatch kiegészítőt használtuk. A kapott motívumokat egyenként, manuálisan leellenőriztük. A motívumokban talált fehérjéket megvizsgáltuk, hogy mutációjuk előfordul-e rákos daganatokban, ehhez a COSMIC adatbázis adatait használtuk fel. 4 motívum kategóriát definiáltunk, amelyekből összesen 676-ot találtunk a vizsgált jelátviteli hálózatban. Mivel több fehérje nemcsak egy útvonalban vesz részt – az útvonal tagsági információk hozzáadása után – létrehoztunk „útvonal-motívum” párokat, amely alapján szignifikáns eltéréseket találtunk. Elöl-szabályozott motívumok esetén a EGF-MAPK, WNT, TGF, IGF és Notch útvonalak voltak gyakoribbak, míg a hátul szabályozott *feedback* típus esetén az EGF-MAPK, TGF és Hedgehog útvonalak. Következően vizsgáltuk a jelátviteli fehérjék motívumon belüli topológiai szerepét. Több különbséget találtunk, így például *feedforward* jelátviteli motívumok esetében az indító fehérjék között szignifikánsan gyakoribbak voltak a receptorok és a kofaktorok, míg ritkábbak a transzkripciós faktorok. Megnéztük a motívumok szöveti expresszióját, amely alapján szövetspecifikus (elöl-szabályozott *feedback*, *feedforward*) és általánosan előforduló motívumokat tudtunk elkülöníteni. Vizsgáltuk, hogy a motívumok jelátviteli útvonalakon belül, illetve között fordulnak-e elő. Azt találtuk, hogy például a *feedforward* motívumok esetében a JAK/STAT útvonal motívumai voltak gazdagabbak *cross-talk*-ban a többi motívum útvonalaihoz képest. Kitértünk a motívumok orvosi vonatkozásaira és gyógyszerészeti jelentőségére. Ezért úgy gondoljuk, hogy a jelátviteli útvonalak motívumszintű megértése jó alapot adhat az új gyógyszer-célpontok keresésének.

---

**HATOS ANDRÁS**

Molekuláris Bionika

BSc, 4. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Kalmár Lajos*

*tudományos főmunkatárs, MTA TTK Enzimológiai Intézet*

---

### **Az amiloidképző fehérjeszakaszok részletes bioinformatikai vizsgálata**

A fehérjék kóros összecsapódásának, aggregációjának azon formáját, melyben az eredetileg globuláris, vagy szerkezettel nem rendelkező fehérjék egy átmeneti szerkezeti állapoton keresztül egy stabil, ellenálló polimer szál képződését idézik elő, amiloid-képződésnek nevezzük. A lerakódott amiloid plakkok hibásan feltekeredett fehérjékből képződött polimerek, melyekre az antiparalell béta-redős szerkezet jellemző. Több olyan betegség is ismert (pl.: Alzheimer-, Huntington- és Parkinson-kór, Creutzfeld-Jacob-szindróma, II. típusú diabétesz), melyekben a kórkép kialakulása egyértelműen köthető ilyen patológiás fehérje aggregátum lerakódásokhoz, plakkok képződéséhez. Az amiloid-képződés szerkezeti hátterének egyre jobb ismeretének, a kísérletesen igazolt amiloid képző fehérjék megfelelően nagy számának, és az egyre megbízhatóbb amiloid jósló programoknak köszönhetően lehetőségünk nyílt nagy amiloid-képző szakaszok és az azokat határoló ún. "flanking" régiók vizsgálatára. Munkánkban az elsődleges szerkezetből kiindulva az aminosavak fizikai és kémiai tulajdonságait alapul véve keressük az amiloid-képződést elősegítő és gátló szekvenciális sajátosságokat. Eredményeink hozzájárulnak az amiloid-képződés jobb megismeréséhez, az amiloidózissal kapcsolatos betegségek hátterében álló genetikai és fehérje eltérések jobb megértéséhez. Egy jelenleg zajló nagyobb átfogó vizsgálat részeként ez a munka információval szolgál annak megértésében is, hogy a természet miként szabályozza a sejten belüli fehérje-fehérje kapcsolatok szekvenciális hátterét, hogyan kerülhető el, hogy egy fehérje-fehérje kapcsolatban résztvevő szakasz potenciális amiloid-képző legyen.

---

**KIRSCH KLÁRA**

biomérnök

MSc, 4. félév

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem

Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar

*Témavezető:**Dr. Peták István**tudományos igazgató, KPS Orvosi Biotechnológiai és Egészségügyi Szolgáltató Kft.*

---

**Döntéshozó rendszer fejlesztése rákos betegek molekulárisan célzott egyénre szabott terápiájához**

Mára egyértelműen bebizonyosodott, hogy a rák genetikai eredetű betegség, melyet megközelítőleg 460 gén szomatikus vagy öröklött mutációi okozhatnak. Ez új irányvonalat adott az onkológiai diagnosztikának és a daganatellenes gyógyszerek fejlesztésének. A feladat az, hogy minden egyes beteg esetében megtaláljuk a molekuláris célpontot, ami meghibásodott és a célpontnak megfelelően gyógyszeresen gátoljuk az okozott sejtműködési szabályozási zavart. A gyógyszerérzékenység vagy rezisztencia nagymértékben függ a mutáció génbeli helyétől, amely következő generációs szekvenálási technikákkal pontosan meghatározható. Az utóbbi 10 évben a célzott terápia kezdeti sikerei miatt rohamosan nőtt a molekuláris adatok halmaza és klinikai vizsgálatok száma, valamint több mint 400 új gyógyszermolekula áll klinikai fejlesztés alatt. A rákgének lehetséges mutációinak száma a *Catalogue of Somatic Mutations in Cancer* (COSMIC) adatbázisban elérte az 540.000-et.

Célunk egy olyan döntéstámogató szoftver fejlesztése az onkológusok számára, ami a tumor biomarker profilja alapján prediktálja, hogy a kezeléshez melyik célzott gyógyszer lehet hatásos, és melyik nem. A rendszer alapját a *TARGETED DRUG SENSITIVITY DATABASE* képezi, amely irodalmi adatok alapján a szomatikus mutációk gyógyszerérzékenységre kifejtett hatását vizsgálja. Az adatbázis mutáns sejtvonalakon vagy enzimeken mért gyógyszerérzékenységi adatokat tartalmaz a vad típussal összehasonlítva. A felépített információhalmaz hiánypótló, hiszen hasonló adatbázis még nem létezik. A *TARGET-DRUG ASSOCIATION ANALYZER* döntéshozó rendszer klinikai evidenciákra és a *TARGETED DRUG SENSITIVITY DATABASE*-re épül. Feladata az, hogy megállapítsa a molekuláris diagnózis során talált biomarker mintázatnak biológiai jelentőségét, és pozitív vagy negatív kapcsolatát az egyes gyógyszermolekulák hatékonyságával. A döntéshozó rendszert jelenleg 17 protoonkogén és 1 tumorszupresszor gén valamint 20 célzott gyógyszermolekula alkotja.

Jövőbeli tervek közé tartozik, hogy az adatbázist a lehető legtöbb onkogénre/tumorszupresszorra kiterjesztjük és bioinformatikai módszerekkel – fehérje szerkezet modellezéssel és gyógyszermolekula dokkolással – megpróbáljuk előre jelezni a gyógyszerérzékenységet azokban az esetekben is, amelyeknél még nem áll rendelkezésre kísérletes eredmény.

---

**LAKATOS ESZTER**

Info-bionika  
MSc, 2. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem  
Információs Technológiai Kar

*Témavezető:  
Dr. Kellermayer Miklós  
egyetemi tanár, SE ÁOK*

---

**Miozin vastag filamentumok morfológiájának atomerő-mikroszkópos vizsgálata**

A szervezet egészséges működésének egyik legalapvetőbb eleme az izomösszehúzódás, melyben pedig az aktin-miozin kölcsönhatás játszik fontos szerepet. Fiziológiás körülmények közt a miozin molekulák vastag filamentumokba szerveződnek, melyet a hárántcsíktolt izomból jól ismerünk, ám sok szerkezeti részlete egyelőre ismeretlen. Ezen rendszert kiválóan modellezik a szintetikus miozin filamentumok. Az atomerő-mikroszkópia segítségével pedig közel természetes körülmények között vizsgálhatjuk ezen polimereket.

Mivel a filamentumok kialakulásában fontos tényező a környezet ionerőssége, a szerveződési mechanizmust e paraméter változtatásán keresztül figyeltük meg. A szintetikus filamentumokat nyúl hátizomból származó miozin felhasználásával, dialízissel állítottuk elő, melynek során a felhasznált pufferben a kálium-klorid (KCl) koncentráció kísérleteként különböző volt. A filamentumokat csillám felszínen, puffer oldatban vizsgáltuk.

Csillámon a filamentumok elterült alakot vesznek fel, ezáltal eltávolítva egymástól a miozin dimereket és feltárva belső szerkezetüket. Méréseink során jelentős különbséget figyeltünk meg az átlagos filamentum-szélességben attól függően, milyen KCl koncentrációnál szintetizáltuk a filamentumokat. Az átlagos szélességértékek 0, 30, 60, 90 és 120 mM KCl mellett rendre az alábbiak voltak:  $103 \pm 23$ ,  $179 \pm 34$ ,  $167 \pm 38$ ,  $162 \pm 43$ ,  $159 \pm 41$  nm. További vizsgálat céljából az ionerősséget a kísérlet közben is megváltoztattuk, mely megerősítette a filamentum és a felszín közötti kölcsönhatás KCl-koncentráció függését. Az eredményeket nitrocellulózon vizsgált filamentumokkal vetettük össze, melyek szintén mutatták a korábban megfigyelt ionerőfüggést.

Nagyfelbontású felvételeken pedig a belső szerkezet számos sajátossága megfigyelhető, mint például a 0 mM KCl-os filamentumokra jellemző mag struktúra, melynek magassága és szélessége a filamentum nagyságával változik. A magasabb ionerősségen készített képeken pedig a filamentumokon belüli molekulák világosan elkülöníthetők egymástól, a miozin fejek eloszlása számszerűsíthető, valamint farki részekből álló szubfilamentumok figyelhetők meg, melyek helikálisan összezsavarodva alkotják a polimer törzsét.

Morfológiát leíró eredményeink remélhetőleg hozzá fognak járulni a filamentumok szerveződésének megértéséhez, valamint polimerizációs folyamatokat és aktin-miozin kölcsönhatást vizsgáló tanulmányok kiindulópontjául szolgálnak majd.

---

**VERES DÁNIEL**

Általános orvos

Osztatlan, 11. félév

Semmelweis Egyetem

Általános Orvostudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Csermely Péter*

*egyetemi tanár, SE ÁOK*

*Korcsmáros Tamás*

*tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK*

---

### **ComPPI: kompartmentalizált fehérje-fehérje kölcsönhatási adatbázis**

A fehérje-fehérje kölcsönhatási hálózatok (interaktómok) nagyban segítik az ép és a beteg sejt szerveződésének és funkcióinak rendszerszintű megértését. Az interaktómokban a sejt belüli lokalizációt eddig csak ritkán vették figyelembe. Emiatt a legtöbb esetben az interaktómok sok hamis-pozitív kölcsönhatást tartalmaztak, hiszen a kölcsönható fehérjék a sejtben belül a valóságban nem tartózkodtak azonos helyen.

Az interaktómok hamis kapcsolatainak szűrésére az egyik módszer a szubcelluláris lokalizáció hozzárendelése a fehérjékhez. A munka során négy élőlény (*S. cerevisiae*, *C. elegans*, *D. melanogaster* és *H. sapiens*) adatbázisát készítettük el. Ennek alapját a fehérje-fehérje kölcsönhatási adatok adták, amelyek kapcsolatait több adatbázis összegzéséből származó lokalizációs információk alapján korrigáltuk.

Az elkészült kompartmentalizált fehérje-fehérje kölcsönhatási adatbázist ComPPI-nak neveztük el ([www.linkgroup.hu/comppi](http://www.linkgroup.hu/comppi)). Az adatbázist kiszolgáló webes felületen a le-töltendő adatbázisok struktúrája a későbbi vizsgálatokhoz optimalizálható.

A kompartmentalizált interaktómok vizsgálata rávilágított arra, hogy a fehérjék lokalizációs térképe az eddig használt interaktómok tulajdonságait alapvetően megváltoztatja. Az adatbázis segítségével így nagyobb biztonsággal kereshetők olyan hálózati pontok vagy kapcsolatok, amelyek gyógyszeres befolyásolásával lehetőség nyílna az olyan komplex patomechanizmussal rendelkező betegségek kezelésére is, mint amilyen a diabétesz vagy a rák.

---

---

## BIOKÉMIA

2013. április 3., ETSZK „B” épület (Bal fasor), XXX terem, 9:00-11:15

Zsűri: Dr. Benyhe Sándor, Dr. Alexa Anita, Dr. Hermes Edit

|             |   |
|-------------|---|
| 9:00-9:15   | <b>Czikora Máté (EKF TTK):</b> Nyomelemekkel dúsított mikroalga-biomassza illetve kalcium-alginát előállítási körülményeinek optimalizálása                             |
| 9:15-9:30   | <b>Ecsédi Péter (ELTE TTK):</b> Az S100A4/metasztazin és a p53 kölcsönhatásának szerkezeti vizsgálata   |
| 9:30-9:45   | <b>Juhász Krisztina (ELTE TTK):</b> Antitest-antigén kölcsönhatások vizsgálata optikai módszerekkel   |
| 9:45-10:00  | <b>Kassay Norbert (DE TTK):</b> Humán T-nyiroksejtes limfóma vírus-3 proteáz enzim kinetikai vizsgálata   |
| 10:00-10:30 | szünet  |
| 10:30-10:45 | <b>Martina Máté (ELTE TTK):</b> A RecQ helikáz doménjeinek szerepe a DNS-szerkezetek átalakításában   |
| 10:45-11:00 | <b>Oravecz Kinga (SZTE TTK):</b> Na <sup>+</sup> /Ca <sup>2+</sup> -exchanger inhibitorok Na <sup>+</sup> -függő hatásainak vizsgálata izolált szívműködéseken          |
| 11:00-11:15 | <b>Szabó Edina Ivett, Szénási Nikolett Lilla (PTE TTK):</b> A vér és a nyál tejsavszintjének összehasonlítása és az értéket befolyásoló élettani paraméterek vizsgálata |

---



---

## CZIKORA MÁTÉ

Biológia

BSc, 6. félév

Eszterházy Károly Főiskola

Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Forgó Péter*

*főiskolai tanár, EKF TTK*

*Molnár Szabolcs*

*tudományos segédmunkatárs, EKF TTK*

---

### Nyomelemekkel dúsított mikroalga-biomassza illetve kalcium-alginát előállítás körülményeinek optimalizálása

A mikroalgák bioszorpciós képessége közismert. Ez a képesség azt jelenti, hogy az algák képesek környezetükben megtalálható mikroelemeket, nyomelemeket és nehézfémeket abszorbeálni. Munkánk során két algafaj, a *Spirulina platensis*, és *Chlorella vulgaris* bioszorpciós képességének „in vitro” vizsgálatát, a törzstenyészetek mikrobiológiai állapotának ellenőrzését, tenyésztési körülményeik optimalizálását, optimális biomassza gyarapodásuk paramétereinek vizsgálatát, és az algasav fémkötő képességének vizsgálatát tűztük ki célul. A bioszorpciós képesség, és a fémkötés vizsgálatához négy esszenciális nyomelemet választottunk: vas, réz, cink, molibdén. Az algák bioszorpciójának vizsgálata során tápoldatokat állítottunk össze nemzetközileg elfogadott szabványok alapján: OECD 201 illetve Zarrouk. A vizsgált fémek koncentrációját ekvimolárisra, azaz mólra azonosra állítottuk be és ebből két verziót készítettünk az alábbiak szerint:

1. Verzió: A Alverzió: Fe, Cu, Zn, és Mo koncentrációja ( $\mu\text{mol/l}$ ): 0.1

B Alverzió: Fe, Cu, Zn, és Mo koncentrációja ( $\mu\text{mol/l}$ ): 1

C Alverzió: Fe, Cu, és Mo koncentrációja ( $\mu\text{mol/l}$ ): 10

2. Verzió: A Alverzió: Fe koncentráció ( $\mu\text{mol/l}$ ): 10, Cu, Zn, és Mo koncentráció ( $\mu\text{mol/l}$ ): 1.

B Alverzió: Cu koncentráció ( $\mu\text{mol/l}$ ): 10, Fe, Zn, és Mo koncentráció ( $\mu\text{mol/l}$ ): 1.

C Alverzió: Zn koncentráció ( $\mu\text{mol/l}$ ): 10, Fe, Cu, és Mo koncentráció ( $\mu\text{mol/l}$ ): 1.

D Alverzió: Mo koncentráció: 10 Fe, Cu, és Zn koncentráció ( $\mu\text{mol/l}$ ): 1.

A két hetes tenyésztési periódust követően meghatároztuk az algák biomassza tömegét, majd hidrogén-peroxid és salétromsav jelenlétében mikrohullámú berendezéssel roncsoltuk a sejteket, amelyek nyomelemtartalmát AAS-el határoztuk meg. Az algasav fémkötésének vizsgálata során kalcium-alginátot állítottunk elő különböző pH-n (pH 5, pH 7, és pH 10). A négy nyomelemet olyan koncentrációban adtuk a szuszpenzióhoz, ami az RDA által előírt napi bevitel 20%-ának felel meg. Megállapítottuk, hogy a *C. vulgaris* biomassza gyarapodása és nyomelem abszorpciója a tízszeres réztartalmú tápoldatban bizonyult a legjelentősebbnek, a *S. platensis* biomassza produkciója és nyomelem abszorpciója a tízszeres vastartalmú tápoldatban bizonyult a legjelentősebbnek. Az algasav vas és réz kötése savas és semleges pH-n, míg a cink és molibdén kötése semleges és lúgos pH-n bizonyult hatékonyabbnak.

---

**ECSÉDI PÉTER**

Biológus MSc

MSc, 9. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Nyitrai László**tanszékvezető, ELTE TTK**Kiss Bence**PhD-hallgató, ELTE TTK*

---

**Az S100A4/metasztazin és a p53 kölcsönhatásának szerkezeti vizsgálata**

Agresszív, áttétképzésre hajlamos tumorok esetében sokszor az S100A4/metasztazin megemelkedett koncentrációja tapasztalható. A szabályozásban betöltött szerepét, amely több ismert fehérjével történő,  $\text{Ca}^{2+}$ -függő kölcsönhatáson keresztül valósul meg, még csak most kezdjük megérteni. Az S100A4 képes kölcsönhatásba lépni a p53 tumor szupresszor fehérje N-terminálisán elhelyezkedő transzaktivációs domén (TAD) is, és módosítani annak működését. Célunk ennek az interakciónak a szerkezeti megismerése, hogy jobban megértsük a két fehérje által kialakított szabályozási mechanizmusokat. Egy atomi felbontású szerkezettel tisztázni lehetne a ma még sokszor ellentmondó irodalmi adatokat, megfigyeléseket is. Klónozással és heterológ fehérje expresszióval 4 egymással átfedő TAD fragmentumot állítottam elő, hogy megtaláljam a domén kötőfelszínét legszűkebben tartalmazó szakaszt. Kiderült, hogy a TAD rendezetlen N-terminális végén lévő 11 aminosav nem vesz részt a kötés kialakításában. A transzaktivációs domén TAD2 szubdoménjének fontosságára is fény derült, mivel hiányában nem jött létre interakció. Az irodalmi adatokhoz hasonló erősségű kölcsönhatást sikerült kimutatnom fluoreszcencia polarizációs (FP) ( $K_d = 4 \pm 0,6 \mu\text{M}$ ) és izotermális titráló kalorimetriás (ITC) ( $K_d = 2,1 \pm 0,6 \mu\text{M}$ ) mérésekkel. Az affinitás mellett ITC méréssel meghatároztam a kötés sztöchiometriáját és termodinamikai paramétereit is. Cirkuláris dikroizmus (CD) spektroszkópiás vizsgálatok során a TAD másodlagos szerkezetében jelentős hélix tartalombeli növekedést figyeltem meg az S100A4-hez való kötődésekor. A kompetitív FP mérések továbbá azt mutatták, hogy a már korábban vizsgált nem-izom miozin IIA (NMIIA) és a TAD az S100A4 ugyanazon kötőfelszínéhez kapcsolódhatnak. Ezek alapján készítettünk egy S100A4 – TAD komplex szerkezeti modellt, ahol a CBP – TAD komplex NMR szerkezeténél megfigyelt két rövid hélix az S100A4 egy-egy al egységének kanonikus kötőzsebeibe illeszkedik, kialakítva egy, az S100A4 – NMIIA szerkezetéhez hasonló aszimmetrikus fehérje komplexet. Munkám eredményeit felhasználva könnyebben eljuthatunk egy atomi felbontású szerkezet megismeréséig.

---

**JUHÁSZ KRISZTINA**

Biofizikus MSc

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Róbert**tudományos főmunkatárs, MTA TTK MFA**Dr. Kurunczi Sándor**tudományos munkatárs, MTA TTK MFA*

---

**Antitest-antigén kölcsönhatások vizsgálata optikai módszerekkel**

A P3SENS Európai Unió együttműködés célja egy olyan többcsatornás polimer alapú fotonikus kristály bioszenzor tervezése, és gyártása, mely oldatokban rendkívül kis koncentrációban ( $< 1$  ng/ml) jelenlévő molekulák koncentráció-változásának jelölésmentes monitorozására alkalmas, emellett olcsó, hordozható. Egy ilyen bioszenzor lehetővé tenné betegségmarkerek kimutatását a vérből, betegségek diagnosztizálását és megelőzését. Az OWLS technika jelölésmentes, valós idejű, molekuláris interakciók detektálására alkalmas módszer. A chip a vékony filmréteg technikát alkalmazva, egy hordozóból és a rajta kialakított vékony ( $\sim 170$  nm), nagy törésmutatójú filmrétegből áll, mely optikai hullámvezetőként működik. A fény ebben a hullámvezető rétegben csak meghatározott módusokban terjedhet, a módusok érzékenyek a felületi viszonyokra. A határfelületek törésmutató viszonyainak megváltozásából következtethetünk a chip felületére adszorbeálódott tömegre.

Feladatunk a CRP antigének és az őket érzékelő antitestek minél jobb immobilizálása a filmrétegre. A receptor (antitest) immobilizálás első lépéseként különböző felületkémiát alkalmazva megvizsgáljuk a módosított felületek és az antitestek kölcsönhatását, majd az antigének kötődését az antitestekhez.

Ha valódi diagnosztikai eszközt szeretnénk készíteni, akkor nem elég az antitest-antigén kölcsönhatásokkal foglalkoznunk, mivel a vizsgálandó molekuláink komplex oldószerben, a vérben találhatók, ezért vizsgálatainkban marhaszérumos kísérletek is szerepeltek.

Kezdeti kísérleteinkben sikerült kimutatnunk a marhaszérum adszorpcióját az általunk használt  $\text{SiO}_2/\text{TiO}_2$  chip felületén, illetve összehasonlítottuk a glutáraldehiddel és PEI-vel aktivált felületeket. A receptorok mindkét esetben jól kötődtek, a felületi immobilizálás sikeresnek tekinthető.

---

**KASSAY NORBERT**

Biotechnológia

MSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Matúz Krisztina*

*tudományos munkatárs, DE ÁOK*

*Dr. Tózsér József*

*egyetemi tanár, DE ÁOK*

---

### **Humán T-nyiroksejtes limfóma vírus-3 proteáz enzim kinetikai vizsgálata**

A Humán T-nyiroksejtes limfóma vírus 3 egy 2005-ben Kamerunban felfedezett retrovírus. A retrovírusok *Deltaretroviridae* alcsaládjába tartozik. Közeli rokonságban van a patogén HTLV-1 vírussal. Okozhat neurológiai megbetegedéseket, tumort valamint immundeficienciát is. A legtöbb HTLV vírussal ellentétben azonban képes megfertőzni a CD4+ és CD8+ T-sejteket is. Mint minden retrovírus, így a HTLV-3 életciklusában is kulcsszerepet tölt be a virális proteáz (PR), mely a virális prekursor fehérjék funkcionális részekre történő hasítását végzi, ezt követően történhet meg a vírus összeszerelődése. Így a proteáz megfelelő célpont lehet a vírus által okozott betegségek kezelésében. Munkánk során célul tűztük ki, a HTLV-3 proteáz kinetikai paramétereinek meghatározását, valamint a HTLV-1 ellen kifejlesztett PR-inhibitorok, az IB268 és IB269 hatásának vizsgálatát. Munkánk során elvégeztük a munkacsoportunk által korábban BL21 (DE3) *E. coli* sejtekbe transzformált HTLV-3 proteáz expressziójának, feltárásának és tisztításának optimalizálását. Az expressziót LB médiumban IPTG általi indukcióval végeztük, a sejtfeltárást deoxikólsav (DOC)- lizozim segítségével végeztük. A HTLV-3 fehérje elválasztására a reverz fázissal analóg-HPLC kromatográfia bizonyult a leghatékonyabb módszernek. Ezt követően vizsgáltuk az enzim kinetikai jellemzőit, HPLC módszer segítségével HTLV-1 és HTLV-3 PR hasítási helyet tartalmazó szintetikus oligopeptid szubsztrátokon, illetve meghatároztuk az enzim relatív aktivitási értékeit a HTLV-1 kapszid-nukleokapszid hasítási helyet tartalmazó P3 helyen módosított szintetikus oligopeptid szubsztrátokon. A gátlásvizsgálatok során mind a két HTLV-1 proteáz inhibitor hatékonynak bizonyult, azonban az IB268 gátló hatása jelentősebb volt.

---

**MARTINA MÁTÉ**

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Kovács Mihály*

*tudományos főmunkatárs, ELTE TTK*

*Harami Gábor*

*PhD-hallgató, ELTE TTK*

---

### **A RecQ helikáz doménjeinek szerepe a DNS-szerkezetek átalakításában**

A helikázok a DNS szálainak szétválasztására specializálódott motorfehérjék. A RecQ helikázok nélkülözhetetlenek a genomintegritás fenntartásában. A RecQ helikázokat egy központi motorrégió és további, a funkciót segítő járulékos domének építik fel. Utóbbiak közül kutatásom az *E. coli* RecQ helikáz szárnyas hélix (*winged helix*, WH) és HRDC doménjeinek funkciójára fókuszál. A vad típusból kiindulva géntechnológiai módszerekkel két mutáns fehérjét állítottunk elő: a RecQ<sup>523</sup> fehérjéből hiányzik a HRDC domén, a RecQ<sup>414</sup> fehérjéből pedig a HRDC és WH domén is hiányzik. E fehérjék működését jellemző legfontosabb kinetikai paramétereket vizsgálok fotometriás és biokémiai mérőmódszerek segítségével. Vizsgáltam a fehérjék haladását különböző hosszúságú és koncentrációjú egyszálú DNS szubsztrátokon. Többek között azt tapasztaltam, hogy a domén(ek) hiánya a RecQ<sup>523</sup> esetében növelte a sebességet és a proceszszivitást, a RecQ<sup>414</sup> esetében viszont nagymértékben csökkentette a DNS-hez való affinitást. Vizsgáltam továbbá komplexebb, két illetve három szálból álló DNS szubsztrátokon a szálszétválasztás képességét és időbeni lefutását is. Megfigyeltem, hogy a RecQ<sup>523</sup> alig veszített szálszétválasztási képességéből, ellenben komplexebb szubsztrátok esetében csökkent szálszétválasztási aktivitást mutatott. A RecQ<sup>414</sup> szálszétválasztási képessége minden szubsztrát esetében drasztikusan csökkent. Ezekből az eredményekből arra következtetek, hogy a WH domén a DNS felismerésében és a szálszétválasztásban alapvető fontosságú, míg a HRDC domén a komplexebb DNS szubsztrátok azonosításában tölt be fontos szerepet.

---

**ORAVECZ KINGA**

Biológus MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Acsai Károly*

*tudományos munkatárs, SZTE ÁOK*

*Dr. Márton Zoltán*

*posztdoktor, SZTE ÁOK*

---

**Na<sup>+</sup>/Ca<sup>2+</sup>-exchanger inhibitorok Na<sup>+</sup>-függő hatásainak vizsgálata izolált szívizomsejteken**

Háttér: A szívizomsejtek Ca<sup>2+</sup>-háztartásában a Na<sup>+</sup>/Ca<sup>2+</sup>-exchanger (NCX) az egyik legfontosabb Ca<sup>2+</sup> eltávolító mechanizmus (*forward* NCX). Kisebb mértékben a sejtek Ca<sup>2+</sup>-mal való feltöltésében is szerepe van (reverz NCX). A szelektív NCX-inhibitorok fontos farmakológiai eszközök az NCX (pato-)fiziológiai szerepének kutatásában, és a terápiás lehetőségek felderítésében. Kísérleteinkben az NCX-inhibitorok feltételezett Na<sup>+</sup>-függő hatásait vizsgáltuk. Módszerek: Kísérleteinket kutyaszívből izolált kamrai és pitvari szívizomsejteken végeztük. Az NCX-áramot a *patch clamp* metodika *whole cell* konfigurációjában mértük. Az NCX áram-feszültség karakterisztikáját EGTA-val pufferezt intracelluláris oldat jelenlétében +50 mV-tól -100 mV-ig terjedő feszültség-ramp protokoll alkalmazásával regisztráltuk. A sejtek kontraktilitását és az intakt Ca<sup>2+</sup>-háztartás esetén mérhető NCX-áramot 1Hz-es frekvenciájú feszültségimpulzusok alkalmazásával mértük. A kontrakciókat a kísérlet során rögzített videofájlok szoftveres analízisével értékeltük. Az NCX gátlására SEA0400-at és ORM10103-at használtunk. Eredmények: Kutya kamrai és pitvari sejteken a SEA0400 1 μM koncentrációban jelentősen gátolta az NCX reverz (+40mV) és forward (-95mV) irányú működését. A gátlás mértékét a [Na<sup>+</sup>]<sub>i</sub> 20 mM-ról 50 mM-ra történő növelése nem befolyásolta sem kamrai sem pitvari sejtek esetén. Intakt Ca<sup>2+</sup>-háztartás mellett 5 mM [Na<sup>+</sup>]<sub>i</sub> és alacsony feszültség impulzus (0mV) esetén 1 μM ORM10103 a teljes protokoll alatt az *inward* irányú áramot csökkentette, amit a sejtkontrakció erősödése, azaz pozitív inotróp hatás kísért. Ezzel szemben 20 mM [Na<sup>+</sup>]<sub>i</sub> és pozitív feszültség impulzus (+30mV) esetén az ORM10103 az impulzus alatti áramot *inward* irányban növelte, ami *outward* áram gátlására utal. A sejtkontrakció ezzel párhuzamosan jelentősen gyengült. Megbeszélés: Az NCX-gátlás Na<sup>+</sup>-függését nem tudtuk bizonyítani, még extrém magas [Na<sup>+</sup>]<sub>i</sub> esetén sem. A gátlás Na<sup>+</sup>-től való függetlensége arra utal, hogy a látszólagos Na<sup>+</sup>-függő hatások valójában a Ca<sup>2+</sup>-háztartás aktuális egyensúlyának eltéréseit tükrözik. Fokozott *forward* NCX működés esetén a Ca<sup>2+</sup>-efflux gátlása pozitív inotróp hatású, míg fokozott reverz NCX működés mellett a Ca<sup>2+</sup>-influx gátlása negatív inotróp hatást eredményez. Ennek nagy jelentősége lehet a terápiás alkalmazhatóság szempontjából, mert szívélgtelenségben a Ca<sup>2+</sup>- és Na<sup>+</sup>-háztartás egyensúlya eltér a normálistól, ezért szívélgtelenségben az NCX-gátlás következményei is eltérőek lehetnek.

---

**SZABÓ EDINA IVETT**

Biológus MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

**SZÉNÁSI NIKOLETT LILLA**

Biológus MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Wilhelm Márta**egyetemi docens, PTE TTK**Tékus Éva**egyetemi tanársegéd, PTE TTK**Dr. Gábor Róbert**egyetemi tanár, PTE TTK*

---

### **A vér és a nyál tejsavszintjének összehasonlítása és az értékét befolyásoló élettani paraméterek vizsgálata**

A nyál számos élettani funkciója mellett a sportélettani kutatásokban is egyre nagyobb figyelmet kap, mint a biokémiai markerek fontos forrása. Célul tűztük ki, hogy vizsgáljuk a nyál és a vér tejsavszintje közötti kapcsolatot maximális terhelést követően, továbbá alap élettani és edzettséghez kapcsolódó paraméterek összehasonlítását és hatásaiknak vizsgálatát a két testfolyadék tejsavszintjeire.

Vizsgálatunkban egészséges fiatalok vettek részt ( $n=16$ ;  $22,82 \pm 3,09$  év); heti sportolt órák száma alapján kontroll és sportoló csoportba soroltuk őket. Antropometriai és élettani paramétereiket rögzítettük, majd futópados terhelést (Astrand-teszt) követően vér és nyál mintákat gyűjtöttünk meghatározott időpontokban (1., 4., 8., 12., 15., 20.). A nyálban lévő laktát mennyiségét spektrofotometriásan, a vérben lévő automata tejsav analízátorral határoztuk meg. A vizsgálatban résztvevő kontroll és sportoló személyek antropometriai mérések alapján homogén csoportot alkottak. A vérmintákban a terhelést követő 1. percben észleltük a tejsav maximumot mind a sportolók esetében, mind a kontroll személyeknél. Ezt követően az értékek csökkentek, a sportolók esetében gyorsabban. A nyálminták vizsgálatakor a homogén sportoló csoportban kétféle tejsav mintázatot és a vértől eltérően két laktát csúcsot figyeltünk meg, ellentétben a kontroll személyek eredményével. Utóbbi csoportban nagy egyéni különbségeket tapasztaltunk a nyál tejsavszint változásában terhelést követően. A sportolók esetében mindkét mintában a vizsgálati idő (20. perc) végére már a nyugalmi laktát-értéket megközelítő eredményeket kaptunk, azonban egyes kontroll alanyoknál csak kis mértékben csökkent a tejsav koncentrációja a vérben és a nyálban egyaránt. A sportoló és a kontroll csoportban is szignifikáns különbséget találtunk a terhelést követően mért vér tejsav értékekben ( $p_{8\min}=0,015$ ;  $p_{12\min}=0,018$ ;  $p_{15\min}=0,025$ ;  $p_{20\min}=0,032$ ). Bizonyítottuk, hogy erős korreláció áll fenn a terhelést követő nyál- és vér tejsav mennyiségek és számos élettani vagy antropometriai tényező (légzésfunkciós paraméterek, a testzsírszázalék, a zsírtömeg, a testtömeg, a testmagasság) között. A vér és a nyál tejsavszintje szignifikánsan korrelál egymással mindkét vizsgált csoportban (sportoló:  $r=0,514$ ,  $p=0,000$ ; kontroll:  $r=0,384$ ,  $p=0,004$ ). Ezen eredményeink alapján elmondható, hogy a nyál tejsavszintjének vizsgálata gyors és hatékony módszert biztosíthat a későbbiekben a fitness meghatározására.

---



---

## BIOTECHNOLÓGIA

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-132 terem, 13:00-15:45

Zsúri: Prof. Dr. Kovács Kornél, Dr. Maróti Gergely, Dr. Szabó István

- |             |  |
|-------------|--|
| 13:00-13:15 | <b>Dobos András</b> (SZTE TTIK): Membrán kötött szulfid oxidáló enzimek tisztítása egy fotoszintetikus bíbor kénbaktériumból                   |
| 13:15-13:30 | <b>Dobrotka Paula</b> (SZTE TTIK): A <i>Thiocapsa roseopersicina</i> egy szulfid kinon oxidoreduktáz típusú enzimének tisztítása és jellemzése |
| 13:30-13:45 | <b>Doffkay Zsolt</b> (SZTE TTIK): A kénanyagcsere és a hidrogéntermelés kapcsolata <i>Thiocapsa roseopersicina</i> BBS-ben                     |
| 13:45-14:00 | <b>Hermán Boglárka</b> (SZIE MKK): <i>Thermobifida cellulosilytica</i> -ból származó Gh5-ös endomannanáz vizsgálata                            |
| 14:00-14:15 | <b>Kakuk Balázs</b> (SZTE TTIK): Cellulózban gazdag biomassza anaerob fermentációja  |
| 14:15-14:45 | szünet   |
| 14:45-15:00 | <b>Király Gábor, Tóth László</b> (DE TTK): Képkötő és képelemző technikák bemutatása <i>Aspergillus nidulans</i> mint modellszervezeten        |
| 15:00-15:15 | <b>Németh Kinga</b> (SZIE ÁOTK): Solid szekvenálással kapott nyúl mikroRNS szekvenciák validálása  |
| 15:15-15:30 | <b>Nyerki Emil</b> (Lánczos Kornél Gimnázium): Mágnesezett növény – avagy a növénytermesztés jövője?   |
| 15:30-15:45 | <b>Szilágyi Árpád</b> (SZTE TTIK): Szarvasmarha bendőből izolált, a cellulóz bontására képes mikroorganizmusok vizsgálata                      |

---

## DOBOS ANDRÁS

Biomérnök  
BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem  
Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Tóth András*

*tudományos munkatárs, MTA SZBK Biofizikai Intézet*

*Dr. Rákhely Gábor*

*tanszékvezető egyetemi docens, SZTE TTIK*

---

### **Membrán kötött szulfid oxidáló enzimek tisztítása egy fotoszintetikus bíbor kénbaktériumból**

A fotoszintetikus bíbor kénbaktériumok, mint például a diákköri munkám során alkalmazott *Chromatiaceae* családba tartozó *Thiocapsa roseopersicina*, képesek felhasználni elektronforrásként redukált szervesetlen kénvegyületeket (elemi kén, tioszulfátot, szulfidot). Ezen élőlényekben található szulfid oxidáló enzimek a flavocitokróm c (Fcc) és a szulfid kinon oxidoreduktáz (Sqr), amelyek a szulfid oxidációjából kinyert elektronokat a fotoszintetikus elektrontranszportba továbbítják. Az Fcc egy két alegységgel rendelkező periplazmatikus enzim, ami az elektronokkal közvetve redukálja a membrán kinon raktárat. Ezzel szemben az Sqr, ami egy a sejtmembrán periplazmatikus felszínéhez kötődő flavoprotein, a sejtek számára energetikailag kedvezőbb módon, az elektronokat közvetlenül a membrán kinon raktárba juttatja.

A *Thiocapsa roseopersicina* genom szekvenciájában korábban azonosítva lettek az Sqr és Fcc enzimeket kódoló gének, valamint egy nyitott leolvasási keret, amelynek terméke az Sqr enzimekhez mutatott nagyfokú hasonlósága miatt a szulfid kinon reduktáz 2 (Sqn) elnevezést kapta. A szulfid kinon reduktáz enzimek biokémiai vizsgálhatóságának érdekében célul tűztem ki olyan *T. roseopersicina* törzsek elkészítését, amelyek az Sqr és Sqn fehérjék N-terminálisán StrepII affinitás peptidokkal fuzionáltatott változatait termelik, valamint az expresszált membránfehérjék aktív formában való tisztítását biztosító módszerek kidolgozását.

Elkészítettem a rekombináns Sqr és Sqn fehérjék kifejeződését biztosító expressziós vektorokat, amelyeket a vad típusú enzimeket nem tartalmazó mutáns *T. roseopersicina* törzsekbe jutattam be. A törzsek fehérje termelő képességét membrán sejtfrakciójuk szulfid függő kinon reduktáz aktivitásának mérésével, valamint Western analízisével ellenőriztem. Kiderült, hogy csak az Sqn fehérjét expresszááló törzsekben termelődik aktív szulfid kinon reduktáz enzim, ezért a továbbiakban az Sqn fehérje tisztítás módszerét dolgoztam ki. Rekombináns Sqn fehérjék korábbi tisztítási eredményeiből kiindulva n-dodecyl- $\beta$ -D-maltozid (DDM) és lauryl-dimethylamin oxid (LDAO) detergensok alkalmazásával próbáltam a fehérjét a membránból tisztítani. A két detergens optimalizált módon való együttes alkalmazása, illetve a szolubilizált membrán fehérje minta dialízálása lehetővé tette az affinitás kromatográfiával való nagy mennyiségű és tisztaságú Sqn fehérje tisztítását.

---

**DOBROTKA PAULA**

Biomérnök Bsc

MSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Tóth András*

*tudományos munkatárs, MTA SZBK Biofizikai intézet*

---

### **A *Thiocapsa roseopersicina* egy szulfid kinon oxidoreduktáz típusú enzimének tisztítása és jellemzése**

Diákköri munkám során egy fotoszintetikus baktérium kénanyagcseréjében feltehetően szerepet játszó, korábban még nem vizsgált fehérjéjének tisztítását és biokémiai jellemzését végeztem el. A bíbor kénbaktériumok közé tartozó *Thiocapsa roseopersicina* növekedése során elsősorban szervesetlen redukált kénvegyületeket hasznosít anyagcseréjének elektronforrásaként. A szulfid oxidációjában szerepet játszó fehérjék a szulfidból felszabadított elektronokat a fotoszintetikus elektrontranszport láncba juttatják. A periplazmatikus flavocitokróm c (Fcc) c-típusú citokróm fehérjék útján, míg a sejtmembrán periplazmatikus oldalához kötődő szulfid kinon oxidoreduktáz (Sqr) közvetlenül juttatja az elektronokat a membránban található kinon raktárba. A *T. roseopersicina* genomban azonosítani lehetett továbbá még egy gént, amelynek levezethető terméke nagyfokú hasonlóságot mutat az Sqr fehérjével, ezért ez szulfid kinon oxidoreduktáz 2-nek (Sqn) lett elnevezve. Feltehetően ez a fehérje is a kénanyagcserében, mint szulfid oxidáló enzim játszik szerepet.

Biokémiai vizsgálatokhoz szükséges nagy mennyiségű tisztított enzimet egy N-terminálisán StrepII affinitás peptiddel fuzionáltatott rekombináns Sqn fehérjét termelő *T. roseopersicina* törzzsel állítottam elő, és kidolgoztam a membrán kötött fehérje tisztításának módszerét. Vizsgáltam a tisztított Sqn fehérje abszorpciós spektrumát, kofaktor tartalmát és jellemzőit. *In vitro* méréseket végeztem az enzim aktivitásának és katalitikus jellemzőinek meghatározásához. Vizsgáltam a fehérje sejten belüli elhelyezkedését.

A *T. roseopersicina* membrán frakciójának nátrium-bromidos kezelésével lehetett felszabadítani az Sqn fehérjét, majd affinitás kromatográfiával sikeresen tisztítottam. Az oxidált és Na-ditionittal redukált tisztított Sqn abszorpciós spektrumát meghatároztam, mellyel igazoltam, hogy a fehérje redox aktív flavin csoportot tartalmaz. A flavin kofaktort metanollal denaturált fehérjéből nem sikerült felszabadítani, ami annak a fehérjéhez való kovalens kötődésére utal. Megállapítottam, hogy az Sqn szulfidfüggő kinon redukciót képes katalizálni. Aktivitásának fiziológiai valamint kinetikai paramétereit meghatároztam. Az Sqn feltehetően nagy mennyiségben elérhető szulfid esetén tölt be szerepet a sejtek anyagcseréjében. A *T. roseopersicina* sejtekből előállított szferoplasztok nátrium-bromid kezelésével létrehozott minták Sqn aktivitásának vizsgálatával igazoltam, hogy a fehérje a sejtmembrán periplazmatikus felszínéhez kötődik.

---

**DOFFKAY ZSOLT**

Biológus

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Rákhely Gábor*

*tanszékvezető egyetemi docens, SZTE TTIK*

*Tengölics Roland*

*doktorjelölt, SZTE TTIK*

---

### **A kénanyagcsere és a hidrogéntermelés kapcsolata *Thiocapsa roseopersicina* BBS-ben**

A fosszilis energiahordozók készleteinek elkerülhetetlen kimerülése miatt egyre nagyobb szerep jut a megújuló energiaforrások/energiahordozók kutatásának. Az új alternatív energiahordozók közül ki kell emelnünk a hidrogént, mivel égése során csak víz keletkezik, szén-dioxid nem. Előállítására az ipar is számos kémiai és fizikai módszert ismer. Biológiai úton történő előállítása új perspektívákat nyithat.

Régóta ismertek a hidrogenázok, mint metalloenzimek, melyek a protonok reverzibilis redukciójával képesek molekuláris hidrogént előállítani. Hidrogenáz alapú biohidrogén termelésre több megközelítés is létezik.

Ki kell emelnünk a bíbor kénbaktériumokat, melyek önmagukban szervesen szubsztrátokból képesek direkt fotobiohidrogén termelésre. Modellorganizmusunknak ezen egyedülálló tulajdonsága miatt választottuk a *Thiocapsa roseopersicina* BBS-t, amely a *Chromatiaceae* család tagja. Szénforrásként szén-dioxidot igényel, és képes különböző kénvegyületek felhasználni és a belőlük származó elektronokból fény segítségével hidrogént előállítani. Legalább négy aktív [NiFe] hidrogenázzal rendelkezik, melyek közül kettő szolubilis NAD<sup>+</sup> redukáló (Hox1, Hox2), és kettő membrán kötött periplazmatikus (Hyn, Hup). *In vivo* a Hox1 és Hyn enzimek reverzibilisek, a Hup pedig a hidrogén felvételét végzi. A hidrogén termelés hatékonyságának növelése érdekében meg kell ismernünk, hogy a kénvegyületek asszimilációja és a hidrogéntermelés milyen kapcsolatban vannak egymással. Ezért megvizsgáltam, hogy a Hyn és Hox1 hidrogenázok hidrogén termelése hogyan kapcsolódik a kénanyagcseréhez. Vizsgáltam a különböző kénvegyületek különálló és együttes hatását az enzimek hidrogén termelésére, miközben követtem a különböző anyagcsere termékek és közttermékek mennyiségi változását.

Kísérleteim során kimutattam, hogy a kénoxidáció során keletkező elektronokból a Hyn és Hox1 hidrogenázok képesek hidrogént termelni, tehát van kapcsolat a kénoxidáció és a hidrogéntermelés között. Továbbá megállapítottam, hogy elemi kén jelenlétében a hozzáadott szulfit hatására a Hyn hidrogén termelése megnövekszik, a Hox1 hidrogén termelése csökken. Eredményeim alapján modellt állítottunk föl a hidrogenázok és a kénanyagcsere kapcsolatára, melyben a kén oxidációjának és a szulfit asszimilációjának más-más szerepe van a hidrogenázok elektronokkal való ellátásában.

---

**HERMÁN BOGLÁRKA**

mezőgazdasági biotechnológus  
MSc, 3. félév

Szent István Egyetem  
Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezető:  
Tóth Ákos  
tanszéki mérnök, SZIE MKK

---

***Thermobifida cellulosilytica*-ból származó Gh5-ös endomannanáz vizsgálata**

A lignocellulóz tartalmú növényi sejtfa különböző kémiai tulajdonságokkal rendelkező frakcióit már ma is többféle iparág hasznosítja. Új technológiák fejlesztésével gazdaságossá válhat a lignocellulóz alapú bioüzemanyag gyártás, de a cellulózt és a hemicellulózat hidrolizáló enzimeknek, így a különböző mannanázoknak további felhasználási lehetőségei vannak a papírgyártás, vagy a takarmányozás területén. Ezen enzimek felhasználásával előállíthatók olyan prebiotikus oligoszacharidok, amelyeket a táplálkozástudományban, vagy az élelmiszeriparban hasznosíthatnak. A nagy gyakorlati potenciál miatt, az ipari hasznosításra alkalmas enzimeket széles körben kutatják.

A természetben a legnagyobb mértékű lignocellulóz átalakítás a komposztok meleg régióiban zajlik, ahol a legaktívabb lignocellulóz bontó baktériumok a *Thermobifida* genusz tagjai. A thermobifidák aerob, Gram-pozitív, termofil aktinomicéták, amelyek összetett hidroláz enzimrendszerük segítségével hatékonyan bontják a lignocellulóz tartalmú növényi biomasszát. Az általam vizsgált endomannanázt (Man5A) termelő *Thermobifida cellulosilytica* típus törzsét 2001-ben izolálták Magyarországon, amely hasonlóan jó lignocellulóz bontási képességgel rendelkezik, mint a nemzetség legismertebb tagja, a *T. fusca*.

Munkám során elsőként sikerült *T. cellulosilytica*-ból származó hidroláz gént klónozni, majd az általa kódolt mannanáz enzimfehérjét heterológ expresszióval *E. coli*-ban túltermeltetni. A biokémiai vizsgálatok során meghatároztam a tisztított enzim molekulatömegét, és az aktivitás szempontjából optimális pH és hőmérsékleti tartományt. A kísérletek során megállapítottam, hogy az enzim magas hőmérsékleti optimummal rendelkezik, 60 °C-on stabilitását több óráig megőrzi, azonban 70 °C-on gyorsan elveszíti aktivitását. A Debreceni Egyetem Genetikai és Alkalmazott Mikrobiológiai Tanszékén a *T. fusca* TM51 törzsből származó endomannanáz enzimet korábban már vizsgálták, így lehetőségem nyílt a két enzim összehasonlítására. Ezek alapján a két homológ enzim a 79%-os aminosav szekvencia azonosság mellett több biokémiai paramétert tekintve is nagyon hasonló, ennek ellenére a hőstabilitásuk között nagyfokú különbséget figyeltem meg. A további kutatások célja lehet az enzim részletes biokémiai jellemzése, a megfigyelt különbségek okainak feltárása, és újabb *T. cellulosilytica* eredetű enzimek vizsgálata.

---

**KAKUK BALÁZS**

Biológia

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Bagi Zoltán**tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK*

---

**Cellulózban gazdag biomassza anaerob fermentációja**

Napjainkban az emberiség igen felgyorsult ütemben termeli ki és hasznosítja a Föld fosszilis energiaforrásait. Ezen tüzelőanyagok elégetésekor különböző üvegházhatású gázok kerülnek kibocsátásra a légterbe. Amellett, hogy a fosszilis energiahordozók a környezetet súlyosan károsítják, nem nyújtanak hosszú távú megoldást a Föld népességének robbanásszerűen növekedő energiaigényére. A megújuló energiaforrások megoldást jelenthetnek mind a jelen, mind a jövő energiaproblémái számára. Az egyik legígéretesebb megújuló energiaforrás a biomassza, hiszen nagy mennyiségben áll rendelkezésre. Többféle felhasználási lehetősége közül dolgozatomban a biogázzá történő fermentálhatóságát vizsgáltam. Azokban a biogáz fermentorokban, ahol a fő alapanyag növényi biomassza a cellulóz adja a bevitt szubsztrátum jelentős hányadát. Ennek az igen ellenálló homopoliszacharid felépítésében D-glükóz monomerek vesznek részt, melyet a bakteriális enzimek igen nehezen képesek bontani.

Munkám során megvizsgáltam, hogy lehetséges-e egy anaerob biogáz reaktorban a cellulóz bontás hatékonyságát megnövelni celluláz aktivitással rendelkező baktérium törzs bevitelével. Dolgozatomban három fakultatív anaerob (*Cellulosimicrobium cellulans*, *Cellulomonas fimi*, *Isoptericola variabilis*) és egy obligát anaerob (*Acetivibrio cellulolyticus*) törzs viselkedését tanulmányozva meg kívántam találni közülük azt, amelyik képes lehet egy biogáz fermentorban lévő környezetet túlélni és a konzorcium aktív tagjaként segíteni tudja a cellulózban gazdag biomassza lebontását.

Megvizsgáltam, hogy az egyes törzsek képesek-e anaerob környezetben növekedni, emellett megvizsgáltam celluláz aktivitásukat is. Megállapítottam, hogy az anaerob fermentor leoltására leginkább alkalmas törzs az *Acetivibrio cellulolyticus*. Szakaszos üzemű fermentációs mérésekkel bemutattam, hogy a törzs bevitele reaktorba képes felgyorsítani a biogáz képződés ütemét.

Elvégeztem a cellulózban gazdag biomassza aerob előkezelését *Bacillus amyloliquefaciens*-el. Az előkezelés hatására a szubsztrát folyadék halmazállapotba került, mely ideális biogáz fermentorban történő felhasználásra. Megállapítottam, hogy az ilyen formában bevitt biomassza ugyan kisebb biogáz potenciállal rendelkezik, de a mikrobák gyorsabb ütemben képesek azt felhasználni.

---

**KIRÁLY GÁBOR**

Biotechnológia MSc  
MSc, 11. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

**TÁLAS LÁSZLÓ**

molekuláris biológia  
MSc, 9. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Szemán-Nagy Gábor György*  
*egyetemi adjunktus, DE TTK*

---

**Képkalkotó és képelemző technikák bemutatása *Aspergillus nidulans* mint  
modellszervezeten**

TDK dolgozatunkban célul tűztük ki az *Aspergillus nidulans* autolízisének képkalkotó és képelemző módszerekkel történő bemutatását, és elemzését.

Az *Aspergillus nidulans* pásztázó elektronmikroszkóppal történő képkalkotási folyamatainak bemutatását, és ezen keresztül a pásztázó elektronmikroszkóp bemutatását, a képelemzői módszerek, technikák prezentálását, és ezen képkalkotói és képelemzői vizsgálatok fontosságát a modern kutatásban.

A vizsgált gombfaj képeinek minőségi és mennyiségi elemzését és összehasonlítását, és az eredmények kiértékelését az autolízis és a további vizsgálatok segítéséhez.

Az *Aspergillus nidulans*nak, mint az egyik leggyakrabban használt modellszervezetnek a bemutatását, elméleti áttekintését.

---

**NÉMETH KINGA**

Biológia

BSc, 5. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Gócza Elen*

*tudományos munkatárs, Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont*

---

### **Solid szekvenálással kapott nyúl mikroRNS szekvenciák validálása**

Az elmúlt évtizedek kutatásai során derült fény a miRNS-ek létezésére, és fontos génregulációs szerepükre. A miRNS-ek olyan 21-26 nukleotid hosszú, fehérjét nem kódoló, egyszálú RNS molekulák, amelyek alapvető szabályozó funkciók érzékeny beállításában vesznek részt. Szabályozó szerepüket a gének poszttranszkripcionális módosítása során fejtik ki azáltal, hogy az mRNS 3' végén található nem transzlálódó régióhoz (UTR, *Untranslated Region*) kötődnek és ott a transzlációt gátolják, vagy az mRNS degradációját okozzák. A miRbase adatbázisban több mint 1000 humán (*Homo sapiens*), és több mint 800 egér (*Mus musculus*) miRNS szerepel, egyelőre azonban nem közöltek nyúl (*Oryctolagus cuniculus*) miRNS szekvenciákat. Számos kutatás irányul egyes sejttypusokra, vagy megbetegedésekre specifikusan jellemző miRNS expressziós mintázatok meghatározására.

Jelen dolgozatomban célja annak a hipotézisnek a tesztelése volt, hogy a Solid szekvenálás során kapott találat-számok miRNS expresszió becslésre alkalmasak, valamint egy olyan módszer kidolgozása, amellyel a Solid szekvenálás során kapott adatok összehasonlíthatók a real-time PCR analízis során kapott eredményekkel. Solid szekvenálással kapott egér és nyúl fibroblaszt, valamint 13 és fél napos nyúl embrió minták szekvencia adataiban kerestük már leírt, humán és egér mikroRNS-ek homológjait. Ezek után egér és nyúl fibroblasztból, valamint 13 és fél napos nyúl embrióból izolált RNS mintákban real-time PCR analízissel vizsgáltuk különböző miRNS-ek jelenlétét és expressziós szintjét. Végül összehasonlítottuk a két módszerrel kapott adatokat.

Eredményeink alapján azt mondhatjuk, hogy a Solid szekvenálás során kapott találat-számok egy az egyben nem hasonlíthatók össze a real-time PCR analízis során kapott relatív expressziós értékekkel, pontos génexpressziós mintázat általuk nem írható le. Bár egyes esetekben nagyságrendi becslést végezhetünk, ezek megbízhatósága igen kicsi, pontos arányok meghatározására pedig egyáltalán nem alkalmas.

Feltételezéseink szerint pontosabb összehasonlítást tenne lehetővé az RNazol reagensbe felvett RNS preparátumok használata, mivel így lehetővé válna a teljes miRNS koncentrációhoz viszonyítani az egyes gének expresszióját. Ugyan ezt az összehasonlítást megtehetjük a Solid szekvencia adatokkal is, hiszen ott is tudjuk, hogy az összes találat-számból mennyi lehet a miRNS. Így talán közelebb hozhatnánk a két módszer eredményeit egymáshoz, és fel tudnánk állítani egy összehasonlítási skálát.



*Témavezetők:*  
*Bélafiné dr. Bakó Katalin*  
*egyetemi tanár, PE MK*  
*dr. Ujvári Sándor*  
*középiskolai tanár, Lánczos Kornél Gimnázium*

---

**Mágnesezett növény - avagy a növénytermesztés jövője?**

A modern szerkezetkutatási és orvosi diagnosztikai módszerek megkövetelik az erősebb, homogénebb mágneses terek létrehozását, ezek a fejlesztések folyamatosan beszívárognak a hétköznapi használatba is. Manapság egyre többet lehet hallani a mágneses terek jótékony vagy épp káros hatásairól. Mivel a legtöbb ilyen „hír” tudományos hitelessége megkérdőjelezhető, szerettem volna megvizsgálni a mágneses terek élő szövetekre gyakorolt hatását. Mivel ember- és állatkísérletek elvégzésére nem volt lehetőségem, így a növényekre esett a választásom.

Előkísérletek során meghatároztam a növények mágneses kezeléshez szükséges mágnesek számát, térerősségét és a mágneses pólusok megfelelő elrendezését, majd azt az időtartamot, ameddig érdemes a növényeket a hatásnak kitenni. Az ideális kísérleti összeállítás ismeretében próbaméréseket végeztem több növényfajjal is (kerti sarkantyúka, zöldborsó, különböző fák, bokorbab). A csíráztatást minden esetben Petri-csészébe helyezett nedves szűrőpapíron végeztem, a csírákat több esetben kiültettem, amihez saját fejlesztésű földkeveréket használtam.

Kísérleteimet a továbbiakban nagy egyedszámmal (3×100 db) végeztem, hogy reprezentatív eredményt kapjak. Rövid csírázási idejük miatt búzát, kukoricát és zöldborsót használtam az adatgyűjtéshez. A mérések során a tömeggyarapodást, a csírahosszokat, és a kelési arányt vizsgáltam az 5. napot követően. A cserepekbe kiültetett növényeket további heteken keresztül vizsgáltam, és adatokat gyűjtöttem a növények szárának hosszáról és a levelek számáról. Megfigyeléseimhez magyarázatára lehetőségeimhez mérten reprodukáltam néhány irodalomban talált fitotron kamrás vizsgálatot. Ehhez megterveztem és megépítettem egy egyszerűbb, de működőképes fitotron kamrát, amely segítségével megvizsgáltam, hogy különböző megvilágításokra, illetve a fény teljes hiányára hogyan reagálnak a kontroll illetve a mágneses térben lévő búza és kukorica csírák. Az irodalomban leírtaknak megfelelően mágneses térben, kék megvilágítás mellett figyelhető meg a legintenzívebb növekedés. A pontos hatásmechanizmus felderítése további vizsgálatokat igényel. A mérések során használt legkisebb mágneses térerősségű, neodímium ötvözetből készült mágnesek *quadrupole* elrendezésével, 1 óra előmágnesezéssel az általam vizsgált növények mindegyike jelentősen jobban fejlődött, mint a kezeletlen példányok. A kapott eredmény alapján a módszer alkalmas lehet arra, hogy mezőgazdaságban is alkalmazható legyen.

---

## SZILÁGYI ÁRPÁD

Biológus MSc

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Rákhely Gábor*

*tanszékvezető egyetemi docens, SZTE TTIK*

*Dr. Perei Katalin*

*egyetemi adjunktus, SZTE TTIK*

---

### **Szarvasmarha bendőből izolált, a cellulóz bontására képes mikroorganizmusok vizsgálata**

A fosszilis tüzelőanyagok elégetése környezetszennyező termékeket eredményez, mindamelllett, hogy a kőolajtartalékok kimerülő félben vannak. Mindezek arra ösztönzik a kutató- és fejlesztő laboratóriumokat, hogy alternatív megoldásokat találjanak energiaigényünk kielégítésére. Több megoldás is formálódóban van, például a cellulóz alapú eljárások kifejlesztése.

A cellulóz az egyik legnagyobb mennyiségben előforduló szerves vegyület a Földön. Számos helyen fellelhető, elsősorban a növények sejtfalában, így cellulóz alapú biomassza hatalmas mennyiségben keletkezik a mezőgazdaságban, iparban és a háztartásokban is, ezért adott a lehetőség, hogy ezt hasznos célokra fordítsuk. Lebontására számos mikroorganizmus képes aerob és anaerob körülmények között is, melynek eredményeként például szerves savakat,  $H_2$ -t állítanak elő. Az anyagcsere során felszabaduló metabolitok továbbalakíthatók metanogén törzsek segítségével metánná. A  $CH_4$  és a  $H_2$  alternatív energiahordozóként szolgálhatnak.

Munkám megkezdésekor célomul tűztem ki, hogy szarvasmarha emésztőrendszeréből olyan mikroorganizmusokat izoláljak, amelyek a cellulóz alapú biomasszát képesek bontani. Több lépcsős szelekciót követően sikeresen izoláltam olyan mikroorganizmust, mely szénforrásként csak cellulózt tartalmazó agar lemezen képes növekedni és szaporodni. Meghatároztam az izolált törzs környezeti optimumait (pH érték, hőmérséklet, cellulóz koncentráció), valamint az anyagcsere során felszabaduló metabolitokat. A cellulóz bontás modellezéséhez kizárólagos szénforrásként mikrokristályos cellulózt illetve szűrőpapírt tartalmazó minimál sós tápfolyadékban vizsgáltam az izolált törzs szaporodását, anyagcsere termékeinek változását.

Kísérleteimmel sikeresen bizonyítottam, hogy az általam izolált törzs anyagcseréje során képes cellulóz biomasszából  $H_2$ -t és szerves savakat előállítani. Ezen metabolitok közvetlen felhasználása, továbbalakítása pedig lehetőséget nyújt arra, hogy energiaszükségleteinket összeegyeztessük a fenntartható fejlődés fogalmával.

---

## EVOLÚCIÓ ÉS POPULÁCIÓGENETIKA

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-343 terem, 13:00-15:15

Zsűri: Prof. Dr. Rózsa Lajos, Dr. Péntes Zsolt, Dr. Szabó Péter

- |             |   |
|-------------|---|
| 13:00-13:15 | <b>Hubai András Gábor</b> (ELTE TTK): Klonális növények stratégiáiban felfedezhető kompetíció-kolonizáció csereviszony                                      |
| 13:15-13:30 | <b>Lakatos Eszter</b> (PPKE ITK): A citokinetikus gyűrű összehúzóási mechanizmusa   |
| 13:30-13:45 | <b>Mizsei Edvárd, Szabolcs Márton, Katona Patrik</b> (DE TTK): A <i>Vipera ursinii</i> -komplex ( <i>Viperidae</i> ) niche összehasonlítása                 |
| 13:45-14:00 | <b>Nemesházi Edina</b> (SZIE ÁOTK): A Kárpát-medence rétisas-populációjának ( <i>Haliaeetus albicilla</i> ) filogeográfiai és populációgenetikai vizsgálata |
| 14:00-14:30 | szünet  |
| 14:30-14:45 | <b>Rácz Rita</b> (DE TTK): Palacknyak hatás az <i>Aricia artaxerxes issekutzii</i> ( <i>Lepidoptera: Lycaeidae</i> ) észak-magyarországi populációiban      |
| 14:45-15:00 | <b>Rosa Márta Erzsébet</b> (DE TTK): Gazda-szimbionta koevolúció kísérletes vizsgálata zöld hidráknál   |
| 15:00-15:15 | <b>Hubai András Gábor</b> (ELTE TTK): Második hibaküszöb: a függetlenül replikálódó gének kompartmentekben fenntartható maximális száma                     |

---

---

**HUBAI ANDRÁS GÁBOR**

Biológia MSc

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Oborny Beáta PhD*

*egyetemi docens, ELTE TTK*

---

### **Klonális növények stratégiáiban felfedezhető kompetíció-kolonizáció csereviszony**

A növény esszenciális tápanyagai heterogén eloszlást mutatnak a talajban. A fiziológiai egyedeket (ramet) fenntartani képes dús foltokon kívül a túlélés sajátos stratégiát igényel. Vegetatív szaporodású (klonális) növényeknél ilyen az integráció: amikor az összeköttetésben álló rametek közt újraosztásra kerül az össz felvett forrás. Ez mérsékelni képes a környezeti foltosság hatását, s lehetővé teszi a zord területek hasznosítását. Az így elérhető többlet biomasszáért azonban nagy árat kellhet fizetni: az integrációt nélkülöző (splitter) egyedek, akik a felvett tápanyagból egyedül gazdálkodnak, a dús foltokból könnyedén kiszorítják az integrátorokat. Ők pedig, dús hátszáguk híján, a forráshiányos területekről is kivesznek.

Feltételeztem, hogy az integráció legfőbb előnyéül a zord úton megközelíthető, splitterektől elzárt dús foltok szolgálnak. Sejtautomata modellben vizsgáltam a talaj térbeli szerkezetét, a dús foltok arányának ( $p$ ) függvényében. Megmutattam, hogy a) a splitterek terjedését akadályozó kis ( $s < 4$ ) foltok  $p > 60\%$ -nál eltűnnek; b) az integrátorok terjedését segíti  $p > 20\%$ -nál, hogy a foltok  $95\%$ -nak közvetlen ( $d=1$ ) szomszédságában van másik folt; c) a perkolációs küszöb ( $p=50\%$ ) fölött a rametek középtávú ( $d < 5$ ) szomszédságában a kolonizálandó foltok eltűnnek ( $< 10\%$ ). Eredményeim azt sugallják, hogy mérsékelt tápanyagszegény talajokon ( $20\% < p < 50\%$ ) valóban azért előnyös az integrátor stratégia, mert a splitterekre nézve már fragmentált táj számukra még átjárható.

---

**HUBAI ANDRÁS GÁBOR**

Biológus MSc

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Kun Ádám*

*tudományos főmunkatárs, ELTE TTK*

---

**Második hibaküszöb: a függetlenül replikálódó gének kompartmentekben  
fenntartható maximális száma**

Az élet kialakulásának korai szakaszára jellemző (ún. minimális) genomot nem volt lehetséges egyetlen kromoszómán eltárolni: az enzimatisz másolás pontatlansága miatt az információ jelentős része hamar elveszett volna (vö. Eigen Paradoxona). És bár rövid szakaszok már ekkor is kellő pontossággal másolódtak, különálló gének formájában sem problémamentes e minimális genom fenntartása: a szaporodási ráták közötti elkerülhetetlen különbségek kompetitív kizáráshoz, ezáltal pedig információvesztéshez vezetnek. A Sztochasztikus Korrektor Modell (SCM) a protosejtekbe csomagolt gének osztódáskori véletlenszerű szétválása révén teszi lehetővé, hogy az előnyös összetételű protosejtek folyamatosan újra felbukkanjanak, s így a belső versengés ellenére is fennmaradjon a teljes génkészlet.

Egyedalapú modell segítségével kerestük a vezikulaszám, illetve a vezikulán belüli molekulaszám függvényében fenntartható különböző gének maximális számát. Megmutattuk, hogy a sztochasztikus korrekció lehetővé teszi közel 100 gén együttélését, még bizonyos egyenlőtlen szaporodási ráták mellett is. Egy minimális élő sejthez körülbelül 60-100 különböző gén szükséges, így elmondható, hogy kompartmentalizált rendszerünkben az információ integrációja sikeres: elegendő a protosejt működéséhez. Eredményeink felvetnek egy lehetséges evolúciós utat, amely során újabb és újabb gének épülnek be a rendszerbe, annak összeomlása nélkül.

---

**LAKATOS ESZTER**

Molekuláris bionika

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. François Nédélec**csoportvezető, Európai Molekuláris Biológiai Laboratórium, Heidelberg**Dr. Iván Kristóf**egyetemi docens, PPKE ITK*

---

**A citokinetikus gyűrű összehúzóási mechanizmusa**

A citokinetikus gyűrű egy aktin alkotta struktúra, mely anafázis során jelenik meg a sejt középvonalában, és a citokinézis során csökkenő átmérő jellemzi. Minden állati sejtben megtalálható, és valószínűleg fontos szerepet játszik a leánysejtek elválasztásában. Élesztőben már kimerítően tanulmányozták a gyűrűt, immáron több mint 50 fehérjét ismerünk, melyek szükségesek a gyűrű kialakulásához vagy összehúzóódásához. Ennek ellenére még számtalan a megválaszolatlan kérdés: például az egyes fehérjék szerepei, az összehúzóódás mechanizmusa, valamint a kapcsolat a sejtosztódással. Mivel a citokinetikus gyűrű egy kvázi egydimenziós struktúra, modellezése viszonylag gyors és egyszerű. S mivel több aktin-összehúzóódáson alapuló jelenség is van, így a gyűrű megértése más sejten belüli folyamatok hátterének megismeréséhez is hozzájárulhat.

Munkám során megismerkedtem a sejtvezérlés szimulálására tervezett cytosim nevű, C++ alapú programmal, mely témavezetőm, François Nédélec fejlesztése. Felhasználva a cytosim nyújtotta lehetőségeket, megalkottam egy egydimenziós modellt a legalapvetőbb komponensekből. Ebben a sejtet egy periodikus határfeltétellel ellátott téglalap jelképezte, mely a gyűrűt egy középvonalbeli vonallá egyszerűsítette. Szimulációim segítségével felmértem, melyek a hatékony összehúzóódás szükséges és elégséges feltételei. Az ezen eredményekből származtatható mechanizmusok kiértékelésére egy a szimulált filamentumokban fellépő átlagos feszültségértékeket vizsgáló módszert alkalmaztam. Az előzőekben megtalált két összehúzóódásra képes modellen kísérleteket végeztem a feszültség időbeli változásának, valamint paraméterfüggésének felmérésre. Mivel a kapott feszültség görbék a simaizom-jellegű mechanizmust támogatták, egy gyűrű keletkezésével kapcsolatos modellel bizonyítottam ezen mechanizmus biológiai relevanciáját.

A továbbiakban a mechanizmus megbízhatóságát teszteltem, melyhez egy, a gyűrű felszakadását megakadályozó háttér-folyamatot kerestem. Újabb, kétdimenziós modellem már magában foglalta a filamentumok dinamikus instabilitását is, így egyszerre volt megbízható és képes az összehúzóódásra. A programban alkalmazott minimális változtatásokkal megalkottam a sejt középvonalában lezajló folyamatok realisztikus modelljét. A korábbiakban már megismert viselkedésű kontroll rendszerekhez hasonlítottam a modellem, és ezek segítségével beállítottam a paraméterek megfelelő értékeit, hogy a modellel visszaadja az irodalomban megtalálható kísérleti eredményeket.

---

**MIZSEI EDVÁRD**

Biológia BSc. Ökológia szakirány  
BSc, 7. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

**KATONA PATRIK**

Biológia BSc.

BSc, 1. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

**SZABOLCS MÁRTON**

Biológus Msc. Zoológia szakirány  
MSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Lengyel Szabolcs*

*tudományos főmunkatárs, MTA Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai  
Intézet, Tisza-kutató Osztály*

---

**A *Vipera ursinii*-komplex (*Viperidae*) niche összehasonlítása**

A *Vipera ursinii* fajkomplex apró termetű veszélyeztetett viperák csoportja, amelyek Nyugat-Európától Kína keleti határáig fordulnak elő, sztyepp és havasi gyepeken. A komplexbe 10-17 taxon (fajok és alfajok) sorolható morfológiai és molekuláris módszerekkel, de a klasszikus kladisztikai eredmények ellentmondásban állnak a molekuláris filogenetikai törzsfá rekonstrukciókkal. Vizsgálatunkban az élőhelyi sajátosságok (főként klíma) és az ökológiai niche átfedés összefüggését kerestük morfológiai és filogenetikai összehasonlításokkal. Ehhez MaxEnt módszerrel modelleztük a *Vipera ursinii*-komplexbe tartozó 17 taxon ökológiai niche-ét, 11 klimatikus és geográfiai változó, valamint 216 irodalomból származó és saját gyűjtésű „csak-jelenlét” előfordulási adat alapján. A niche modellek alapján taxonpáronként kiszámítottuk a niche átfedés nagyságát és összevetettük a morfológiai jellegekkel és különböző a priori csoportokkal. Eredményeink szerint a niche átfedés nagysága negatívan korrelált a morfológiai távolsággal, tehát az élőhelyi hasonlóság valóban kapcsolatban áll a morfológiai hasonlósággal. Továbbá vizsgáltuk, hogy a morfológiailag azonosítható közel rokon, testvértaxonok és a molekuláris testvértaxonok esetében csoportokon belül és csoportok között mekkora niche átfedés mértéke. Azt tapasztaltuk, hogy a filogenetikai testvértaxonoknál szignifikánsan nagyobb volt a niche átfedés, ami niche konzervativizmusra utal. Az élőhely altitudinális kiterjedése alapján pedig azt tapasztaltuk, hogy a síkvidéki taxonok között magas a niche átfedés (pl. *V. u. rakosiensis* és *V. u. moldavica*), a hegy- és síkvidéki csoportok között alacsony, és nem várt eredmény volt, hogy a hegyvidéken előforduló taxonok között is alacsony a niche átfedés, amit a nagyobb altitudinális intervallum, vagy nagyobb mértékű adaptáció magyarázhat. Vizsgálatunk bizonyította, hogy a vizsgált vipera fajkomplexben (i) a morfológiai hasonlóság kapcsolatban van a niche-átfedés mértékével, (ii) a niche konzervativizmus erős lehet és (iii) a niche-átfedés kapcsolatban lehet a környezeti tényezők (tengerszint feletti magasság, éghajlati tényezők) változatosságával.



---

**NEMESHÁZI EDINA**

Biológus

MSc, 3. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezető:*

*Szabó Krisztián*

*tudományos segédmunkatárs, SZIE ÁOTK*

---

### **A Kárpát-medence rétisas-populációjának (*Haliaeetus albicilla*) filogeográfiai és populáció-genetikai vizsgálata**

A rétisas (*Haliaeetus albicilla*, Linnaeus 1758) ártéri erdőkhöz kötődő, fokozottan védett ragadozó madár, melynek legdélebbi állományai a Kárpát medencében találhatók. Az európai populáció a 20. század elején mutatkozó drasztikus állománycsökkenést követően az 1970-es évektől ismét gyarapodásnak indult. Magyarországon az 1970-es években a teljes költőállományt 2-12 párra becsülték, és feltehetően a Tisza mentén egyáltalán nem költött, csupán az Alsó-Duna-völgy területén fészkel. Napjainkban a hazai állomány meghaladja a 220 költőpárt, és a költőterület is gyors növekedést mutat. A faj egész elterjedési területén végzett filogeográfiai vizsgálat a mitokondriális kontroll DNS-régió alapján két nagy haplocsoportot különített el, keletibb, illetve nyugatibb elterjedéssel. Később a Kárpát-medencétől északra költő közép-európai populációkban számos új haplotípust találtak a két haplocsoporton belül. Mindeztől kezdve viszont a Kárpát-medencei állomány filogeográfiai és populációgenetikai viszonyait nem vizsgálták. Kutatásunk során két fő kérdés vizsgálatát tűztük ki célul. Egyrészt feltérképeztük a mitokondriális kontroll DNS-régió egy 500 bázispár hosszúságú szakaszának vizsgálata révén a hazai rétisas-állomány filogeográfiai viszonyait, összehasonlítva Európa más, korábban vizsgált populációival. Ezt a DNS-szakaszt 16 Kárpát-medencei fiókan vizsgáltuk meg.

Másik kérdésünk a Tisza menti költőállomány eredetére vonatkozott. Két fő hipotézisünk szerint ez az állomány származhat (1) Európa északi populációiból ide tömegesen telelni érkező madaraktól, melyek közül néhányan megtelepedhettek a területen, illetve (2) a Kárpát-medence délnyugati fészkelőterületeiről származó madarak juthattak el ide a költőterület expanziója során. E kérdés megválaszolásához 61, a Kárpát-medence különböző területein kikelt fióka egyeden kilenc mikroszatellita lókuszt segítségével vizsgáltuk a délnyugati és a Tisza menti költőállomány genetikai szerkezetét. A DNS-mintákat a faj gyűrűs jelölési programja keretében végzett gyűrűzéskor tépett fiókatollak szolgáltatták.

Eredményeink azt mutatják, hogy a Kárpát-medencében megtalálható mindkét nagy haplocsoport a vizsgált mtDNS-régióból. A délnyugati és Tisza menti állományok nem mutatnak genetikai strukturáltságot, így a Kárpát-medence rétisas-állománya egy összefüggő populációnak tekinthető. Mindezek arra utalnak, hogy a hazai Tisza menti területek költőállománya alapvetően a Kárpát-medence délnyugati területeiről származhat.

---

**RÁCZ RITA**

Biológus MSc

MSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Pecsenye Katalin*

*egyetemi docens, DE TTK*

*Dr. Bereczki Judit*

*egyetemi adjunktus, DE TTK*

---

**Palacknyak hatás az *Aricia artaxerxes issekutzi* (Lepidoptera: Lycaeidae) észak-magyarországi populációiban**

A populációkban bekövetkező hirtelen egyedszám csökkenés gyakran a genetikai variabilitásra negatív hatással van, ami a fitnesszt is befolyásolja, a populáció alkalmazkodóképessége is romlik. Éppen ezért szükséges, hogy ezeket a múltbeli demográfiai változásokat ki tudjuk mutatni, különösen veszélyeztetett fajok esetében. A bükki szerecsenboglárka (*Aricia artaxerxes issekutzi*) Észak-Magyarország két régiójában fordul elő: a Bükkben és az Aggteleki-karszton. Ezen területek meszes alapkőzetű, száraz-félszáraz, rövidfűvű gyepeit népesíti be, melyek azonban szukcessziós folyamatoknak egyre erőteljesebben ki vannak téve. A két régió közötti klimatikus különbségeknek köszönhetően a Bükk-fennsíkon a szukcessziós folyamatok gyorsabban mennek végbe, az itt élő *A. artaxerxes* populációk izolálódását és hanyatlását eredményezve. Ezzel szemben az aggteleki régióban többnyire erős populációi maradtak fent a fajnak. Ezek a körülmények nagyszerű lehetőséget biztosítanak a hanyatló populációkban bekövetkező genetikai következmények tanulmányozásához.

A vizsgált *A. artaxerxes* minták 2002-ben és 2005-ben lettek gyűjtve, 4 bükki és 10 aggteleki populációból. Mindegyik mintában 19 lókusz enzim-polimorfizmusát vizsgáltunk. Az eredmények magas szintű polimorfizmust mutattak ezekben a populációkban, a legtöbb paraméter szignifikánsan nagyobbak bizonyult az Aggteleki-karszton, mint a Bükkben. Az allélok különböző frekvenciaosztályok szerinti megoszlásának alakja egy lehetséges *bottleneck* hatást jelzett három bükki és egy aggteleki populációban. Ugyan csak egy bükki populációban sikerült kimutatni szignifikánsan több heterozigótát a várt-hoz képest, de bizonyos tendenciák figyelhetők meg. A *bottleneck* populációra jellemző alléleloszlást mutató minták esetében szignifikánsan nagyobb standardizált heterozigóta többlet mutatható ki, mint a *bottleneck*-kel nem sújtottakban.

---

**ROSA MÁRTA ERZSÉBET**

Biológus

MSc, 1. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Tökölyi Jácint*

*egyetemi tanársegéd, DE TTK*

---

### **Gazda-szimbionta koevolúció kísérletes vizsgálata zöld hidráknál**

A fajok közti mutualisztikus kooperáció magyarázata a mai napig az evolúcióbiológia egyik nagy kérdése. A recens vizsgálatok arra engednek következtetni, hogy a partnerek kooperációja az esetek többségében nem tisztán mutualista jellegeket mutat, vagyis ez a fajta interakció is alapvetően önző kapcsolat, mely során mindkét fél a saját fitnessét igyekszik növelni, akár a másik fél rovására is. A dolgozat célja a mutualista kapcsolat vizsgálata eltérő környezetből származó hidrák (*Hydra viridis*) és endoszimbionta algák (*Chlorella*) között. A gazda-szimbionta koevolúciós elmélet szerint a partnerek közötti folyamatos egymáshoz alakulásnak köszönhető, hogy a rendszer képes megőrizni mutualista jellegét. Ennek megfelelően abból az alap hipotézisből indulunk ki, hogy az adaptáció különböző törzsekben más-másképpen alakulhat, egyrészt a véletlen következtében, másrészt a partnerváltás lehetőségében meglevő különbségek és eltérő környezeti hatások miatt. Ennek predikciójaként eltéréseket várunk a saját illetve a más törzsből izolált algákkal történő keresztfertőzések során a hidrák bimbózási sikerességében. Az így kapott adatokat felhasználva képet kapunk arról, hogy az egyes törzsek és szimbiontaik között lezajlott-e olyan koevolúciós folyamat, ami következtében a saját algákat felismerik, és könnyebben alakítanak ki vele mutualista kapcsolatot. Az előzetes eredmények arra engednek következtetni, hogy a hidrák bizonyos esetekben más törzsből származó algákat is képesek elfogadni és magas bimbózási rátát produkálni.

---

---

## GENETIKA

**2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-516 terem, 8:00-11:00**

**Zsűri: Prof. Dr. Vellai Tibor, Dr. Mihály József, Dr. Sinka Rita**

|             |  |
|-------------|--|
| 8:00-8:15   | <b>Abonyi Csilla</b> (SZTE TTIK): Az adult <i>Drosophila melanogaster</i> szesszilis szövetét kialakító faktorok azonosítása és jellemzése       |
| 8:15-8:30   | <b>Bárány Gusztáv</b> (ELTE TTK): Etnikai hovatartozás becslése autoszómális SNP markerek alapján  |
| 8:30-8:45   | <b>Borsos Máté</b> (ELTE TTK): Egy új Rec8 mutáns karakterizálása: felgyorsított reprodukzív öregedés modell?                                    |
| 8:45-9:00   | <b>Csályi Kitti Dóra</b> (ELTE TTK): Zebradánió <i>Tectum Opticum</i> (TO) mutánsok térképezése és jellemzése                                    |
| 9:00-9:15   | <b>Erős Ágnes</b> (ELTE TTK): A humán írisz színének igazságügyi célú predikciója DNS vizsgálatok alapján  |
| 9:15-9:30   | <b>Lakatos Zsanett</b> (SZTE TTIK): A <i>Drosophila melanogaster</i> embrionális háti záródásában résztvevő gének azonosítása és jellemzése      |
| 9:30-10:00  | szünet   |
| 10:00-10:15 | <b>Szabó András</b> (SZTE TTIK): A miozin ATP-áz aktivációjának vizsgálata <i>Drosophila</i> indirekt repülőizmában                              |
| 10:15-10:30 | <b>Szincsák Sára</b> (ELTE TTK): Az autofágia és a programozott sejthalál kapcsolata az ecetmuslica szemfejlődése során                          |
| 10:30-10:45 | <b>Varga Gergely István</b> (SZTE TTIK): Vérsejt-differenciálódás vizsgálata a <i>Drosophila melanogaster</i> hematopoietikus kompartmentumaiban |
| 10:45-11:00 | <b>Vető Borbála</b> (ELTE TTK): Az 5'hidroximetil-citozin kvantitatív vizsgálata a genomiális DNS-ben  |

---

---

**ABONYI CSILLA**

Biológus Msc

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Andó István*

*csoportvezető, MTA SZBK*

---

**Az adult *Drosophila melanogaster* szesszilis szövetét kialakító faktorok azonosítása és jellemzése**

A *Drosophila melanogaster* kiváló modellszervezet a veleszületett immunitás vizsgálatához. A veleszületett immunitás sejtközvetített és humorális ága erősen konzervált folyamatok révén (pl. bekebelezés, tokképzés, antimikrobiális peptid termelés, melanizáció) veszi fel a küzdelmet a betolakodókkal szemben. A törzsféjlődés során a sejt-közvetítte folyamatok végrehajtására specializált immunsejtek (hemociták) jöttek létre. A *D. melanogaster* lárvában a vérsejtek három kompartmentumba szerveződnek: a központi nyirokcszervbe, a keringő vérsejtekbe és a szesszilis szövetbe; míg a kifejlett egyedben két kompartmentum figyelhető meg: a keringő vérsejtek és a szesszilis szövet. A lárvára és adúltra jellemző mintázatú szesszilis szövetet a testüreg falához kitapadt immunsejtek alkotják. A lárvá szesszilis szövetének szerkezetét meghatározó faktorokról vannak ismereteink, azonban az adult szesszilis szövetéről eddig nem rendelkezünk ismeretekkel. A lárvában a szelvényeket követő, szabályos sávazottság figyelhető meg, míg adultban a háti oldalon szétszórtnak, a hasi oldalon pedig hosszanti sávba rendeződnek a hemociták. Kutatásaink során részletesen jellemeztük mind a lárvát, mind az adult szesszilis szövetét és megfigyeltük, hogy az eddig statikusnak gondolt szesszilis szövet az egyed fejlődése során jellegzetes és morfológiai jegyek alapján jellemezhető változásokon megy keresztül. Az adult szesszilis szövet szerkezetét befolyásoló faktorok azonosítására vizsgálati rendszert hoztunk létre. Ebben a rendszerben vérsejt-specifikus GAL4 meghajtóelem (Hemolactin) segítségével termeltettünk túl, vagy csendesítettünk RNS interferenciával vizsgálni kívánt géneket. A vérsejteket a konstrukcióban lévő riportergénnel (GFP) tettük láthatóvá, és nyomkövettük az egyes gének túltermeltetése vagy csendesítése nyomán létrejött fenotípus változásokat.

Kísérleteinkben olyan faktorokat azonosítottunk, melyek szerepet játszanak a szesszilis szövet kialakulásában és helyes lokalizációjában.

Eredményeink segítségével rávilágítottunk a szesszilis szövet kialakulásának mechanizmusára, valamint a kifejlett *Drosophila melanogaster* szesszilis vérsejt-kompartementumának lehetséges funkciójára.

---

**BÁRÁNY GUSZTÁV**

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Pamzsav Horolma*

*Laboratórium-vezető, Igazságügyi Szakértői és Kutató Intézetek; Budapesti  
Orvosszakértői Intézet; DNS laboratórium*

---

### **Etnikai hovatartozás becslése autoszómális SNP markerek alapján**

A külső jelegeket meghatározó génekkel kapcsolt szekvencia polimorfizmusok meghatározása segíthet bizonyos fenotípus paraméterek becslésében. Az ezzel kapcsolatos korábbi kutatások sikeresen becsülték meg az írisz pigmentáltságát 6 ún. *single-nucleotide polymorphism* (SNP) lokusz segítségével. Egyes etnikai csoportok megfelelő – komplex fenotípus együttesét célzó – SNP lokuszok vizsgálatával lehetővé válik az ismeretlen eredetű minták rasszhoz, etnikumhoz tartozásának genetikai alapú becslése (EEO).

Célom a legnépesebb magyar etnikai csoportok (roma, német, szlovák, horvát) etnikai besorolására alkalmas SNP markerekkel bővíteni az igazságügyi genetika eszköztárát. Jelen munkában a roma, mint legnépesebb magyar kisebbség genetikai alapú becslésére alkalmas SNP markerekkel foglalkozom.

Azonosítottam azokat a lokuszokat, melyeket allél-frekvenciájuk alapján szignifikáns eltérést mutatnak a két csoport között. Továbbá megmutattam az alkalmazott marker szettek szignifikáns megkülönböztető erejét. A dolgozatban 366 magyar és 147 roma mintát vizsgáltam 20 autoszómális SNP markerrel. A genotipizálást TaqMan próbával real-time PCR készüléken végeztem el. A 20 marker allélfrekvencia adataiból számolt G-teszt szignifikancia szintje alapján kiválasztottam 11 SNP lokuszt. Multinomiális logisztikus regresszió segítségével kiszámoltam az  $\alpha$  és  $\beta$  együtthatókat, melyeket predikciós modellekbe (makrókba) építettem be. Továbbá igyekeztem optimalizálni, azaz csökkenteni a vizsgálathoz szükséges SNP markerek számát. Ezért különböző próbák (G-teszt és Wald-teszt) eredményeit felhasználva több modellt is építettem.

A makrók specifikusságát modellépítésben nem szereplő 66 magyar és 53 roma mintán teszteltem vissza.

Az újonnan bevezetett SNP-k és a felállított makrók segítségével ismeretlen eredetű bűnügyi minták etnikai hovatartozása becsülhetővé vált magyar-roma relációban.



---

**BORSOS MÁTÉ**

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Kikue Tachibana-Konwalski*

*tudományos főmunkatárs, Institute of Molecular Biotechnology of the Austrian*

*Academy of Sciences (IMBA)*

---

### **Egy új Rec8 mutáns karakterizálása: felgyorsított reprodukív öregedés modell?**

Meiózis során a megfelelő kromoszóma szegregáció elengedhetetlen folyamat, hiányában aneuploid ivarsejtek képződhetnek. Ha ezek a sejtek részt vesznek a megtermékenyítésben, akkor a keletkező embriók legtöbbször még az anyaméhben elpusztulnak, vagy problémás utódok születnek. Ez utóbbinak jó példája a Down-szindróma, melyről az is ismert, hogy kialakulásának esélye adott anyai kor felett exponenciálisan növekedni kezd. Újabban feltételezik, hogy ennek egyik oka a már embrionális korban párba állt homológ kromoszómákat összetartó kohezin fehérje komplexek előregedése lehet. Ezen fehérje „gyűrűk” egyik meiotikus komponense a Rec8 gén terméke.

Munkám során egy új, mesterségesen létrehozott Rec8 mutáns egér törzs infertilitásának okát igyekeztem felderíteni. Ezen törzs homozigóta mutáns nőtényei képtelenek utódok létrehozására, azonban érett petesejtek megtalálhatóak bennük, ami alapján ez a Rec8 mutáció egy funkció felosztásos mutációnak bizonyul. Petesejt kromoszóma-festéses eljárásokkal a mutáns fehérje centromérekhez közeli, illetve a kromoszóma karokon történő kohézióban való szerepét vizsgáltam. Továbbá szövettani teljes ovárium rekonstrukciókat végeztem, melyekből kiderült, hogy ezek a mutáns nőtények jóval idő előtt, már hét hónapos korban elvesztik a teljes petesejt készletüket. Ez arra utal, hogy a vizsgált egér törzs a Rec8 fehérje egyetlen doménjének mutációja által a reprodukív rendszer felgyorsított öregedésének modellje lehet.

---

**CSÁLYI KITTI DÓRA**

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Varga Máté*

*egyetemi tanársegéd, ELTE TTK*

---

### **Zebradánió *Tectum Opticum* (TO) mutánsok térképezése és jellemzése**

A kifejlett szervezet szöveteinek növekedése, a bennük elpusztult sejtek pótlása az őssejtbiológia központi kérdései közé tartozik. Ennek megfelelően felfedezésük óta kitüntetett figyelem övezi az említett folyamatokban fontos szerepet játszó felnőtt őssejteket. A zebradánió (*Danio rerio*) tectum opticum (TO-a) a hal élete során folyamatosan növekszik a medioposzterior széléin fellelhető őssejteknek köszönhetően. Mivel a fejlődő lárvákban ezek a sejtek közvetlenül az epidermisz alatt helyezkednek el, ideális idegi őssejtmodellként használhatjuk őket. A csoportunkban folyó munka célja a TO őssejtniche normális működésében fontos gének jellemzése.

Kutatásaim során olyan mutáns vonalakkal foglalkoztam, amelyeknél két napos korban apoptózis figyelhető meg a TO proliferatív régiójában. Munkánk során előbb komplementációs analízissel bebizonyítottuk, hogy a mutációk ugyanazon génnek a különböző alléljai az A25-ös, A4-es és G38-as mutánsok esetében. Így a későbbiekben csak az A25-ös illetve az A6-os család térképezését végeztem el, meghatározva a mutációt magába foglaló kromoszóma intervallumot.

Ezzel párhuzamosan *in situ* hibridizációs festésekkel kimutattam, hogy a sejtciklusban, a proliferációban és a sejtors meghatározásában kulcsfontosságú gének expressziója a mutánsokban lecsökkent.

Végül fényérzékelést vizsgáló viselkedési tesztekkel végeztem, bebizonyítva, hogy a mutánsok nem képesek érzékelni a környezetükben végbemenő fényintenzitás változásokat.

---

**ERŐS ÁGNES**

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Völgyi Antónia*

*igazságügyi genetikus-szakértő, Igazságügyi Szakértői és Kutató Intézetek, Budapesti*

*Orvosszakértői Intézet, DNS Laboratórium*

*Dr. Pamzsav Horolma*

*igazságügyi-genetikus szakértő és laborvezető, Igazságügyi Szakértői és Kutató*

*Intézetek, Budapesti Orvosszakértői Intézet, DNS Laboratórium*

---

### **A humán írisz színének igazságügyi célú predikciója DNS vizsgálatok alapján**

Az emberek közti biológiai variabilitás egyik jellemzője a szem-, haj- és bőr pigmentáltsága. A pigmenttermelést meghatározó génekhez hozzárendelhetők velük kapcsolatban lévő *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) lokuszok. Az ISZKI Budapesti Orvosszakértői Intézet DNS laboratóriuma elindított egy projektet, amelynek célja a szemszín becsléséhez szükséges modellépítés, valamint predikciós makró kidolgozása volt. A projektben 300 magyar személy szemszínét határoztuk meg egy erre a célra kidolgozott értékelő szoftver segítségével. A pigmentáltsághoz való kapcsoltságuk alapján publikált adatokból 20 SNP lokusz került kiválasztásra, asszociációs tulajdonságuk alapján pedig a predikciós makró felállítására az alkalmazott SNP lokuszok számát maximum 6-ra szűkítettük. A Walsh-féle IrisPlex nevű makró, és 4 másik, 300 magyar minta alapján multinomiális logisztikus regressziós modellépítéssel készült különböző összetételű és matematikai összefüggéseken alapuló makrókat 66 személyen teszteltem vissza. A saját makrók több kategóriát különítenek el, mint az IrisPlex, újdonság volt bennük az inhomogenitás figyelembevétele. Megfigyeléseink alapján a szem már 20%-os (6 SNP), 30%-os (4 SNP) inhomogenitás érték felett inhomogénnek látható.

A visszatesztelés eredménye szerint a makrók különböző mértékű pontossággal becsülték a szemszínt.

Az IrisPlex a barna, a saját makrók a kék színt becsülték pontosabban. A zöld szemszínű minták alacsony reprezentáltsága miatt, a visszatesztelés erre a színre nem valósult meg. A faktoros és nem faktoros változatok között nem tapasztaltam jelentős különbséget.

A vizsgálat a hazai igazságügyi genetikai vizsgálati palettát bővíti, segítve ezzel a nyomozást ismeretlen eredetű humán biológiai minták tulajdonosainak szemszíneire vonatkozólag.

---

**LAKATOS ZSANETT**

Biológus MSc

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Jankovics Ferenc*

*tudományos munkatárs, MTA SZBK Genetikai Intézet*

---

**A *Drosophila melanogaster* embrionális háti záródásában résztvevő gének  
azonosítása és jellemzése**

Az ecetmuslica (*Drosophila melanogaster*) egyedfejlődése során az embrió hátán egy nyílás alakul ki, amelyet a két oldalsó hámlemez a háti középvonal mentén bezár. A háti záródás során a két egyrétegű oldalsó hámlemez egymás felé közelít, majd találkoznak és összeolvadnak, kialakítva ezzel egy folytonos hámszövetet. Hasonló mechanizmussal megy végbe a sebzáródás is. A sebzáródásban és a háti záródásban egyaránt fontos szerepet kap a sejtvezeték dinamikus átrendeződése. Ennek következtében a sejtek a mozgás irányába polarizálódnak, kialakul egy vezető él, amin dinamikus aktin alapú képződmények: filopódiumok és lamellipódiumok jelennek meg, melyek nélkülözhetetlenek a normális hámzáródási folyamatban. A sejtvezeték másik komponense, a mikrotubulusvezeték is átrendeződik, ami a záródás utolsó lépéséhez, a hámsejtek összekapcsolódásához (cipzározás) szükséges. A háti záródásban részt vevő, mikrotubuluskötő gének azonosítására RNS interferencián (RNSi) alapuló funkcióvesztéssel szűrést hajtottunk végre. Szekvencia-specifikusan csendesítettünk 17 általunk kiválasztott gént, melyek irodalmi adatok alapján a mikrotubulusok dinamikáját befolyásolják. A géncsendesítéshez szükséges duplaszállú RNS-eket megterveztük, megsztetizáltuk és végül megfelelő egyedfejlődési stádiumban lévő embriókba injektáltuk. A géncsendesítés okozta fenotípusokat a fluoreszcensen jelölt élő embriókon videomikroszkóppal vizsgáltuk meg. A 17 génből egy, a shot, csendesítése eredményezett hibás háti záródást, ezért tovább vizsgáltuk. A fenotípus kvantitatív elemzésével kimutattuk, hogy a shot gén, a mikrotubulusokhoz hasonló módon, a háti hám cipzározódásához szükséges. Immunhisztokémiai jelöléssel megmutattuk, hogy a shot a filopódiumok és lamellopódiumokban lévő mikrotubulusok helyes kialakulását szabályozza. A sejtvezeték átrendeződése az élő szervezetek olyan alapjelensége, amely gyakorlatilag minden sejtre jellemző életének, differenciációjának valamely szakaszában. Központi szerepet játszik a szervezet kialakulásában és egészséges működésében, így a jelenség alapvető mechanizmusainak mélyebb megértése, a benne részt vevő molekulák felderítése és vizsgálata terápiás lehetőségekhez segítheti hozzá az orvostudományt.

---

**SZABÓ ANDRÁS**

Biológus MSc

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Mihály József*

*tudományos tanácsadó, MTA SZBK Genetikai intézet*

---

### **A miozin ATP-áz aktivációjának vizsgálata *Drosophila* indirekt repülőizmában**

A harántcsíkolt izmok szigorúan szabályozott felépítése elengedhetetlen a megfelelő funkció betöltéséhez, mind gerincesek, mind ízeltlábúak esetén. Az izomkontrakció alapja az aktin és miozin filamentumok egymáson való elcsúszása, amely energiaigényes folyamat. A rendszer energiájául szolgáló ATP hidrolízisét a miozin molekulák végzik, melyek aktinhoz való kapcsolódása sokszorosára növeli az ATP-áz aktivitás mértékét. Célunk ennek az aktin aktivációnak a jobb megértése. Ennek érdekében az aktin aktivációt befolyásoló *Drosophila* aktin és miozin mutánsokat akarunk előállítani és a későbbiekben tanulmányozni azok hatását az indirekt repülőizom szerkezeti és mechanikai tulajdonságaira. A mutációk az ATP-áz aktivációért felelős régiókat érintenék: aktin esetén az N-terminális régiót, miozin esetében pedig a nemrégiben azonosított ún. aktivációs hurkot. Vizsgálataink során egy transzgenikus, korábban ilyen célra nem használt irányított integráción alapuló rendszert használunk, melyet elsőként optimalizálnunk kellett. Céljaink eléréséhez az indirekt repülőizomra specifikus aktin (Act88F) és miozin (Mhc<sup>1</sup>, Mhc<sup>10</sup>) null mutáns törzseket használjuk, melyek megfelelő genetikai háttérként szolgálnak a vad típusú és mutáns kópiák bevitelére. Röpképtelen Act88F, Mhc<sup>1</sup> és Mhc<sup>10</sup> homo-, és heterozigóta mutánsok menekítését végeztük extra vad típusú kópiák irányított genomi pozícióba való bevitelével. Több független vonal vizsgálata során tanulmányoztuk a mutáns és menekített legyek röplési képességét, az expresziós mintázatot és konfokális mikroszkóppal a szarkomerek szerkezeti változásait.

---

**SZINCÁSÁK SÁRA**

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Billes Viktor*

*doktorandusz hallgató, ELTE TTK*

*Dr. Vellai Tibor*

*tanszékvezető, ELTE TTK*

---

**Az autofágia és a programozott sejthalál kapcsolata az ecetmuslica szemfejlődése során**

Az autofágia az eukarióta sejtek szabályozott, lizoszóma-közvetített önmérsztő folyamata. A károsodott sejtalkotók és fehérjék lebontását végzi, így a differenciálódott sejtek fő citoprotektív mechanizmusa, ezzel összhangban szerepe van a stresszválaszban, az öregedési folyamatban és az idős kori betegségek kialakulásában. Az autofág folyamat jelentősége az egyedfejlődés során is megfigyelhető: a sejtek átépülésében, differenciálódásában és a sejt méret kialakulásában is részt vesz.

Munkacsoportunk az autofágia fejlődésbiológiai szerepével foglalkozik az ecetmuslica (*Drosophila melanogaster*) szem kialakulása során. A fejlődő szemben rendellenes autofág aktivitással rendelkező imágók szeme csökevényes a vad típushoz képest (kiseb vagy egyáltalán nem fejlődik ki). Az egyik lehetséges magyarázat, hogy a kialakult (és akár differenciálódott) sejtek apoptózissal elpusztulnak.

Az apoptózis, más néven I.-es típusú programozott sejthalál, a sejt szabályozott önpusztító folyamata, melyben a sejt fehérjéinek bontását kaspázok végzik. Az autofágia (sejt védelem) és az apoptózis (sejt önpusztulás) kapcsolata intenzív kutatás tárgya.

Az apoptózist a fejlődő szemben Acridine Orange festéssel, (kaspázaktivitást detektáló) Apolinerrel és TUNEL-próbával vizsgáltam. A csökkent autofág aktivitás mellett magasabb szintű sejt pusztulást észleltem. Eredményeink alapján azt feltételezem, hogy a rendellenesen működő autofágia valamilyen módon növeli az apoptózis mértékét.

---

**VARGA GERGELY ISTVÁN**

Biológus

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Honti Viktor*

*tudományos munkatárs, MTA SZBK Genetikai Intézet*

---

### **Vérsejt-differenciálódás vizsgálata a *Drosophila melanogaster* hematopoietikus kompartmentumaiban**

A *Drosophila melanogaster* hemocitái az emlősök vérsejtjeihez hasonlóan több hullámban keletkeznek, és differenciálódásukat evolúciósan konzervált transzkripciós és epigenetikai faktorok szabályozzák.

A lárvában három vérsejtképző kompartmentum található: a szesszilis szövet, a keringés és a központi nyirokszerv. Korábbi sejtvonaljelöléses vizsgálataink során megállapítottuk, hogy a központi nyirokszerv a többi kompartmentumtól elkülönülten fejlődik, azonban az immunindukció hatására szerkezete felbomlik és a lamellociták képzésében mindhárom kompartmentum részt vesz. Vizsgálatainkból az is kiderült, hogy egyes sejtvonalak nagyfokú plaszticitással rendelkeznek; a korábban terminálisan differenciálódottnak vélt fagocitáló sejtek az immunindukció hatására tokképző lamellocitákká alakulnak.

Kísérleteinkben az egyes vérsejttípusok differenciálódásának, illetve a szesszilis szövet integritásának molekuláris hátterét kívánjuk felderíteni szabályozó faktorok génjeinek vérsejt specifikus csendesítésével, illetve kifejeztetésével. A sejtek differenciálódását immunológiai és *in vivo* markerrendszerek segítségével vizsgáljuk, míg a szesszilis szövet átrendeződését *in vivo* konfokális videomikroszkópia segítségével követjük nyomon. Azonosítottunk két olyan faktort, a Headcase és Eater fehérjéket, melyek szerepet játszanak a szesszilis szövet szerkezetének kialakításában és fenntartásában, de a lamellociták differenciálódását nem befolyásolják. A *hdc* gén aktivitásának követésére génkonverzió segítségével *hdc*-GAL4 meghajtóelemet hordozó vonalakat hoztunk létre. A *hdc* gén kifejeződik a lárvá központi nyirokcszervében is, azonban immunindukció hatására a keringésbe kerülő és differenciálódó vérsejtekben aktivitása megszűnik. A *hdc* gén csendesítésének eredményeként a plazmatociták száma mindhárom vérsejt kompartmentumban erősen csökkent, annak ellenére, hogy a *hdc* a szesszilis és a keringő sejtekben nem fejeződik ki. Az Eater receptor génjének csendesítése esetén a szesszilis szigetek mobilizálódnak, de a keringésben nem jelennek meg lamellociták. Ez az észlelés arra utal, hogy az Eater a szesszilis szövet integritásának megtartásában játszik kulcsszerepet, azonban a kompartmentum szerkezetének felbomlása nem elégséges a lamellociták képződéséhez.

Mindez fölveti annak lehetőségét, hogy a vérsejtképző kompartmentumok kialakulása és a bennük zajló vérsejt-differenciálódás sejtautonóm és nem-sejtautonóm módon ható szabályozási folyamatok együttes hatásának az eredménye.

---

**VETŐ BORBÁLA**

Biológia MSc, biológus  
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Arányi Tamás*

*tudományos főmunkatárs, MTA TTK Enzimológiai Intézet*

---

### **Az 5'-hidroximetil-citozin kvantitatív vizsgálata a genomiális DNS-ben**

Az eukarióta sejtek kromatinszerkezete alapvető változásokon megy keresztül a sejt differenciáció és az egyedfejlődés során, valamint lokálisan meghatározza az egyes gének kifejeződését. A kromatinszerkezet kialakításában fontos szerepet játszanak a hisztonok, valamint a DNS kovalens módosításai. Az 5'-hidroximetil-citozin (5hmC) egy olyan citozin-módosítás, amit a TET-enzimek 5'-metil-citozinból alakítanak át oxidációval. Korábbi kutatások igazolták, hogy az 5hmC az aktív demetiláció fontos állomása, de valószínűleg önálló szabályozó szerepe is van. Kísérleteimet DT-40 csirke limfocitákon, HepG2 hepatocarcinoma sejteken és HapMap emberi limfoblasztokon végeztem. Megfigyeltem, hogy a sejtekben – az irodalmi adatoknak megfelelően – egy metiltranszferáz-inhibitor, az 5-aza-2'-deoxicitidin hatására a globális metiláció szintje lecsökken, viszont az 5hmC szintje megnő. Eredményeimet áramlási citometria (FACS), immunfluoreszcencia epifluoreszcens mikroszkóppal és tömegspektrometria (LC-MS/MS) segítségével vizsgáltam. Így kvantitatív módszerekkel is sikerült meghatároznom a sejtek teljes 5mC és 5hmC-szintjét.



---

## HIDROBIOLÓGIA I.

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, Kolosváry Gábor terem, 8:00-11:00

Zsúri: Dr. Csabai Zoltán, Dr. Erős Tibor, Dr. Kovács Attila

|             |  |
|-------------|--|
| 8:00-8:15   | <b>Berta Csaba, Németh László (DE TTK):</b> A Cibaki Holt-Tisza <i>Cladocera</i> állományának összehasonlító elemzése                |
| 8:15-8:30   | <b>Hepp Anna (DE TTK):</b> Stressz alatti változások a békalencse-fajok biomasszájának fehérje- és keményítőtartalmában              |
| 8:30-8:45   | <b>Kacsala István (PE MK):</b> Kisvízfolyások avarlebontó képességének vizsgálati módszereinek összehasonlítása                      |
| 8:45-9:00   | <b>Karap Laura (DE TTK):</b> Folyók és holtmedrek üledékének karbonát meghatározása két eltérő módszerrel                            |
| 9:00-9:15   | <b>Kókai Zsuzsanna (DE TTK):</b> A szélsőséges időjárás hatása a Sebes-Körös (Körösszakál) kovaalga-közösségének összetételére       |
| 9:15-9:45   | szünet   |
| 9:45-10:00  | <b>Szabó Attila (ELTE TTK):</b> Vírusok vizsgálata a Tisza állati eredetű fekális szennyezésének nyomjelzésére                       |
| 10:00-10:15 | <b>Szabó Éva (DE TTK):</b> A Körös menti holtágak vizsgálata   |
| 10:15-10:30 | <b>Vass Máté (PE MK):</b> Dendrotelma gombaközösségének és gerinctelen faunájának hosszútávú monitorozása                            |
| 10:30-10:45 | <b>Tapolczai Kálmán (PE MK):</b> Az <i>Aphanizomenon flos-aquae</i> vertikális eloszlásának vizsgálata a németországi Stechlin-tóban |
| 10:45-11:00 | <b>Vass Máté (PE MK):</b> A vörösiszapár hatása a Torna-patak Ingold-féle gombaközösségére   |

---

---

**BERTA CSABA**

Környezettan BSc

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

**NÉMETH LÁSZLÓ**

Környezettan BSc

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:*

*Gyulai István*

*egyetemi tanársegéd, DE TTK*

---

### **A Cibaki Holt-Tisza *Cladocera* állományának összehasonlító elemzése**

Az ágascsápú rák együttesek hazai sekély vizeinkben, igen nagy fajszámmal találhatók meg, ezért tanulmányozásukkal, vizsgálatukkal fontos információkhoz juthatunk a hínarasodási folyamatokról, a vízszintben bekövetkezett változásokról, de akár a plankton fogyasztó élőlények táplálkozását is megfigyelhetjük. Maguk a *Cladocera*-k, a Föld bármely pontján előfordulnak, és fontos szerepet töltenek be az ökoszisztéma fenntartásában. Fajaik jól elkülöníthetően egy-egy vegetációhoz kötötten fordulnak elő, ezért jól mutatják az élőhelyi szinten bekövetkező változásokat.

Dolgozatunk keretei között a Cibakházi Holt-Tiszát vizsgáltuk. Munkánk során kíváncsiak voltunk arra, hogy a holtmeder jelenlegi hármas tagoltságát tudjuk-e bizonyítani, elkülönülnek-e a holtág növényzettel borított, illetve nem borított területei. Valamint fajgazdagság tekintetében a vízben, vagy az üledékben található-e meg több *Cladocera* taxon.

A mintavételezés 2012 augusztusában történt, összesen 15 helyről történt mintavétel, úgy hogy azok lefedjék az egyes bögék teljes változatosságát. Minden mintavételi helyszínen szűrtünk vizet és vettünk lágy üledéket, ezen kívül fizikai paramétereket is mérünk. Az eredmények kiértékelése után elmondhatjuk, hogy a hármas tagoltság nem igazolt, az üledék nagyobb fajgazdagsággal bír, mint a víztest és jól elkülönül a növényzeti borítottság.

---

**HEPP ANNA**

Biotechnológia

MSc, 7. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Mészáros Ilona*

*tanszékvezető egyetemi docens, DE TTK*

*Dr. Oláh Viktor*

*egyetemi adjunktus, DE TTK*

---

### **Stressz alatti változások a békalencse-fajok biomasszájának fehérje- és keményítő-tartalmában**

A békalencse-félék (*Lemnaceae*, *Araceae*) az egész világon elterjedt, vízfelszínen lebegő, egyszikű növények. Kedvező tulajdonságaik miatt az utóbbi időben környezetvédelmi, ipari és mezőgazdasági alkalmazhatóságukat is intenzíven vizsgálják. Jellemző rájuk, hogy viszonylag magas keményítő-, és fehérjetartalommal rendelkeznek, előbbi mennyisége kedvezőtlen fiziológiai körülmények hatására pedig tovább emelkedhet. Mivel a békalencse-növényekből kivonható keményítő alkalmas lehet az ipari etanol-fermentáció alapanyagának, és a visszamaradó anyag takarmánnyként is használható, kísérleteink során azt vizsgáltuk, hogy akut kémiai stressz hatására, hogyan változik a békalencse-biomassza keményítő- és fehérjetartalma, illetve, hogy milyen fajfüggő különbségek várhatók.

Két, hazai vizekben is elterjedt békalencse-faj, az apró békalencse (*Lemna minor* L.) és a bojtos békalencse (*Spirodela polyrrhiza* (L.) Schleiden) axenikus tenyészeit használtuk. A kémiai stressz indukálásához a növekedésgátlást és nem-specifikus mérgezési tüneteket kiváltó KCl-ot alkalmaztuk.

Eredményeink alapján megállapítottuk, hogy a különböző békalencse fajok axenikus, exponenciális növekedési fázisban levő tenészeit mérhető keményítőtartalommal (~1,9-2 sz.a. %) rendelkeznek, annak ellenére is, hogy a kedvező körülmények között nem a tápanyagraktározás az asszimilált szén elsődleges célpontja.

Az akut kémiai stressz (KCl) hatására az asszimiláló levélfelület növekedése jelentősen lelassul, illetve megáll, ami azonban nem jelenti a szénasszimiláció ezzel párhuzamos, teljes leállítását. Ennek eredményeként mind a szártagok vastagsága és tömörsége (LMA), mind pedig a biomassza szárazanyagtartalma megnövekszik. A szárazanyag-tartalom emelkedése az eredmények alapján részben a keményítő-felhalmozásának is köszönhető. A növények fehérjetartalmát ezzel szemben a KCl-kezelés nem befolyásolta érdemben a vizsgált időtávon, így az továbbra is alkalmas marad takarmányozási vagy zöldtrágyázási célokra.

Kísérleteink során megfigyeltük, hogy a különböző békalencse-fajok eltérő mértékben képesek a keményítőt felhalmozni. A *L. minor* magasabb, biomasszára vonatkoztatott keményítő-felhalmozást mutatott, mint a *S. polyrrhiza*, ami valószínűleg annak az eredménye, hogy a *S. polyrrhiza* az asszimilált szén jelentős részét antociánok szintézisére fordítja.

---

**KACSALA ISTVÁN**

Környezettan B.Sc.

BSc, 9. félév

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezető:*

*Kovács Kata*

*egyetemi tanársegéd, PE MK*

---

### **Kisvízfolyások avarlebontó képességének vizsgálati módszereinek összehasonlítása**

A makrozoobentosz szervezetek funkcionális táplálkozási csoportjai jelentős szerepet töltenek be az anyag és energiaáramlásban. Az alacsonyabb rendű patakokban az aprító szervezetek nagymértékben rá vannak utalva az allochton szerves anyagokra.

Munkám során arra voltam kíváncsi, hogy az általam alkalmazott három terepi eszköz (avarzsák, avardoboz, avarhenger) közül melynek a használatával lehet pontosabban megismerni az aprító szervezetek lebontó tevékenységének feltételezett ütemét. Valamint ki akartam azt is deríteni, hogy melyik eszközt preferálják jobban az aprítók, és milyen sebességgel bomlik az általam használt avartípus (*Populus tremula*) a különböző eszközökben. A vizsgálat helyszínéül egy dombvidéki kisvízfolyást, a Vázsonyisédet választottam.

Eredményeim szerint a „k” avarbomlási együttható a különböző eszközökben általában a „gyors” kategóriába esett. Az összes eszközben a domináns aprító faj a *Gammarus fossarum* volt. Ez a faj az eszközök közül az avarhengert preferálta legjobban. A hengerben található egyedek száma 46 százalékkal több volt, mint az avardobozban; és 69 százalékkal több, mint az avarzsákban.

Az aprító szervezetek és a mikrobiális bomlás hatásának szétválasztása érdekében a mintákban az ergoszterol mennyiséget is meghatároztam, ami utal a gombák által végzett lebontó folyamatok aktivitására. A mikrobiális folyamatokat feltehetően a vízkémiai paraméterek nem befolyásolták, mert a patak vize főionokra nézve jó állapotú.

---

**KARAP LAURA**

Környezettan

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Simon Edina*

*egyetemi adjunktus, DE TTK*

*Gyulai István*

*egyetemi tanársegéd, DE TTK*

---

### **Folyók és holtmedrek üledékének karbonát meghatározása két eltérő módszerrel**

Munkánk során arra a felmerülő problémára kerestük a választ, hogy az üledékek kalcium-karbonát meghatározásakor az izzításos vagy a Scheibler-féle módszer között van-e különbség, illetve a különböző mintavételi helyek szerves anyag és kalcium-karbonát tartalma között tapasztalunk-e különbséget. Többszöri mintavételeink során, tiszai és dunai holtmedrekből, illetve a Dunából gyűjtöttünk nagyszámú üledék mintát. A nagy számra a megbízható eredmények érdekében volt szükség. A szárítás hibája lehet, hogy az agyagásványokhoz kötött vizet elpárologtatva mérési hibát okozhat. Ahhoz, hogy ezeket a mérési hibákat kiküszöböljük, első lépésként légszáraz üledékekből dolgoztunk és derivatográffal termikus elemzést végeztünk. Jelentős különbségeket nem találtunk a két módszer között. A LOI-n és Schleibler kalcium-karbonát vizsgálaton alapuló kanonikus diszkriminancia analízis alapján a vizsgált területek jól elkülönülnek egymástól. Az ANOVA analízissel megállapítottuk, hogy a szervesanyag- és kalcium-karbonát tartalomban is szignifikáns különbségeket tapasztaltunk a mintavételi helyeken. Eredményeink alapján mindkét paraméter kiválóan alkalmazható vizes élőhelyek jellemzésére, de egy területen viszont nem alkalmazható mindkettő vagy az egyiket vagy a másikat célszerű használni.

---

**KÓKAI ZSUZSANNA**

Hidrobiológus (MSc)

MSc, 9. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*B-Béres Viktória*

*biológus, Tiszántúli Környezetvédelmi, Természetvédelmi és Vízügyi Felügyelőség*

*Dr. Bácsi István*

*egyetemi adjunktus, DE TTK*

---

### **A szélsőséges időjárás hatása a Sebes-Körös (Körösszakál) kovaalga-közösségének összetételére**

A bentikus fotoszintetizáló szervezetek csoportjába tartozó kovaalgák fontos szerepet töltenek be mind a vízfolyások mind a tavak anyagforgalmában és oxigéntermelésében, valamint az aljzatot stabilizáló élőbevonat kialakításában. A kovaalga közösség összetétele, taxon száma, ill. az egyes taxonok egyedszáma jól tükrözi a víztér minőségét. Bár pontos határozásuk a jelenlegi gyakorlatban használt fénymikroszkópos vizsgálatokkal nem minden esetben lehetséges (*Gomphonema parvulum*-komplex, *Achnanthydium minutissimum*-komplex, *Encyonopsis microcephala*-komplex), más bentikus algacsoportokhoz képest azonosításuk mégis viszonylag egyszerűbb, ezért a bentikus kovaalgák azonosítása képezi a jelenleg gyakorlatban lévő (Európai Unió Víz Keretirányelv) fitobentosz vizsgálat alapját. Az adott víztérben megtalálható kovaalga közösség összetételét, a közösségen belüli egyes növekedési formák ill. életformatípusok arányát elsődlegesen a tápanyagellátottság és a zavarás mértéke befolyásolja. Ezek alapján Passy (2007) három guildbe sorolta az egyes genusokat (alacsony ill. magas profilú, valamint mozgékony guild).

Vizsgálataink célja volt a Sebes-Körös folyó kovaalga közösségében bekövetkező változások nyomon követése egy vegetációs periódus alatt (2012. április-szeptember): miként változik a fajösszetétel, valamint az egyes életformatípusok és guildok aránya a vízhozam, a klorofill-a tartalom, az összes nitrogén (TN), az összes foszfor (TP) és az idő függvényében. A bevonatmintákat kövekről ill. szubmerz makrofita szervezetekről gyűjtöttük, majd tartós preparátumot készítettünk belőlük, amiket 1000-1600x-os nagyításon vizsgáltunk. A mintákban összesen 130 taxont azonosítottunk. Adatainkat kanonikus korrespondencia-elemzés (CCA) segítségével értékeltük. Eredményeink alapján elmondható, hogy a Sebes-Körös kovaalga közösségének fajösszetételét a körösszakáli mintavételi helyen elsődlegesen a vízhozam változások és az ezzel szorosan összefüggő TN tartalomban bekövetkező változások befolyásolták. A kovaalga életformatípusok és ökológiai guildok arányában végbement változások, valamint a vízhozam és a TN tartalom változásai között is szoros összefüggés volt kimutatható. A taxonok guildekbe történő besorolásával és az adatok ilyenforma értelmezésével, kiegészítve, és egyben kiküszöbölve a fajtévesztésből adódó kisebb-nagyobb hibákat, lehetőség nyílhat arra, hogy mind pontosabb képet lehessen alkotni az adott közösség összetételéről, és az azt kialakító tényezőkről.

---

**SZABÓ ATTILA**

Biológus MSc

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Kern Anita*

*biológus, Országos Környezetegészségügyi Intézet, Vízmikrobiológiai OSztály*

---

### **Vírusok vizsgálata a Tisza állati eredetű fekális szennyezésének nyomjelzésére**

Kezeletlen vagy nem megfelelően tisztított szennyvízzel számos olyan mikroba kerül természetes vizeinkbe, amely a víz felhasználása során (fogyasztás, fürdőzés, halászat) különféle megbetegedéseket okozhat. A szennyezés(ek) eredetének meghatározása az első lépése a folyamatnak, mely során vizeink tisztaságát megőrizhetjük. Vizsgálataink célja egy, a magyarországi gyakorlatban még nem alkalmazott, a szennyezés eredetének azonosítására képes, vírus kimutatáson alapuló nyomjelzéses módszer beállítása volt. A módszer alkalmazása során olyan állati vírusokat detektáltunk (sertés adeno-, és szarvasmarha polyomavírus), amelyek ismert megbetegedést nem okoznak, de tartósan jelen vannak a haszonállat populációban és vizelettel, illetve széklettel folyamatosan ürülnek. 2011 januárjától kezdve kéthetes gyakorisággal végeztünk mintavételt tisztított és nyers szennyvízből, valamint négy felszíni vízmintavételi pontról. A dolgozat 2011. januárja és 2011 szeptembere között végzett mintavételek eredményeit tartalmazza. A tíz literes felszíni vízmintákat, illetve az 50 mL-es szennyvízmintákat direkt flokkulációval koncentráltuk. Az így nyert víruskoncentrátumokból történt a sertés adenovírus és a szarvasmarha polyomavírus mennyiségi meghatározása taxonspecifikus valós idejű kvantitatív polimeráz láncreakcióval. A kimutatási határhoz közel eső minták eredményeit pedig nested PCR-rel ellenőriztük. Vizsgálatainkkal igazoltuk a koncentrálni és a nukleinsav kivonási módszer hatékonyságát, valamint állati vírusok folyamatos jelenlétét felszíni vizekben és a kommunális szennyvizekben. Eredményeink alapján megállapítható, hogy e vírusedményeknek csak egy része távolítható el a jelenleg alkalmazott szennyvíztisztítási eljárásokkal. A vírustiter meghatározásával általános tendenciákat figyelhettünk meg a vírusszám alakulásáról az idő függvényében és az egyes mintavételi helyszíneken.



---

**SZABÓ ÉVA**

Környezettan BSc

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Gyulai István*

*egyetemi tanársegéd, DE TTK*

*Kundrát J. Tamás*

*PhD-hallgató, DE TTK*

---

### **A Körös menti holtágak vizsgálata**

Vizsgálatunkat a Köröstarcsa településen kívül eső, egymás után sorakozó igazi vadregényes területen elhelyezkedő Körös holtmedrek közül három holtmedren végeztük. Az általunk vizsgált holtmedrek ökológiai állapotának felmérését 2012. augusztus 27.-28. között végeztük. A Félhalmi-holtmederben tizenöt, az Erdőzugi-holtmederben kettő és a Harcsási-holtmederben három mintavételi pont jelöltünk ki. A mintavételezés alkalmával a helyszínen hőmérsékletet, oldott  $O_2$  tartalmat,  $O_2$  telítettséget, vezetőképességet, pH-t mértünk. Ezekből a holtmedrekből víz és üledékmintákat vettünk. Terepi munkánk során gyűjtött mintákat a laboratóriumban vízkémiai, üledék toxikológiai meghatározás, valamint  $CaCO_3$  és szerves anyag tartalom vizsgálat alá vetettük. Az eredményeinket statisztikai program segítségével értékeltük. Azt állapítottuk meg, hogy a vizsgált holtmedrek ökológiai állapota jelentősen különbözik egymástól, melyet vizsgált eredményeink is alátámasztottak.

---

**TAPOLCZAI KÁLMÁN**

Környezettudomány

MSc, 2. félév

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezető:*

*Dr. Padisák Judit*

*intézetigazgató egyetemi tanár, PE MK*

---

**Az *Aphanizomenon flos-aquae* vertikális eloszlásának vizsgálata a németországi Stechlin-tóban**

A Stechlin-tó Németország északkeleti területén helyezkedik el, a mecklenburgi tóvidék déli részén. Glaciális eredetű, jelenleg oligo-mezotróf, dimiktikus, egyes években monomiktikus tó. Az egyetlen szervesanyag-forrás a közel 12,4 km<sup>2</sup>-es vízgyűjtő területet borító erdőből való avarbemosódás. Átlagos mélysége 26 méter, maximális mélysége 68 méter. Az eufotikus mélység (20-25 m) a termoklin (8-10 m) alatt húzódik, így létrehozva egy eufotikus meta-, felső hipolimniont.

A stabil rétegzettség és az eufotikus meta- és felső hipolimnion megteremti a feltételeit mélyrétegű klorofill maximum (DCM) kialakulásának, azaz a jó lebegőképességű, árnyéktűrő fajok stabil populációt képesek kialakítani ebben a rétegben. A Stechlin-tóban rendszeresen DCM-et alkot a *Cyanobium* sp. pikocianobaktérium, egyes években pedig a *Planktothrix rubescens*.

Az *Aphanizomenon flos-aquae* először 2000-ben jelent meg a tóban, 2006-tól rendszeres késő nyári tagja a fitoplankton flórának, 2009-ben pedig magas biomassza értékkel jelentkezett, 2009/2010 telén jég alatti vízvirágzást okozott 920 µg L<sup>-1</sup> értékkel.

A vizsgálat során a 2009. és 2010. évben, a rétegzett időszakból származó, a tó legmélyebb pontján vett rétegmintákat elemeztem. A minták alapján vizsgáltam a fitoplankton vertikális elterjedését, különös tekintettel az *Aphanizomenon flos-aquae*-ra.

Eredményül azt kaptam, hogy az *Aphanizomenon flos-aquae* mindkét évben, nyáron DCM-et hozott létre a meta-, illetve a felső hipolimnion mélységében (10-15 m).

Az eutróf vizeket kedvelő faj megjelenése egy oligo-mezotróf tóban, DCM kialakítása és téli vízvirágzása váratlan eseménynek számítanak. Az *Aphanizomenon flos-aquae* DCM létrehozása korábban nem volt dokumentált. A váratlan helyen, és időpontokban való megjelenésére és magas biomassza termelésre magyarázat a hőmérséklet és fényviszonyok kedvező interakciója mellett az *A. flos-aquae* fiziológiai flexibilitása is.

---

**VASS MÁTÉ**

Környezettan

BSc, 7. félév

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Magyar Donát*

*főtanácsos, Országos Környezetegészségügyi Intézet*

*Dr. Padisák Judit*

*egyetemi tanár, PE MK*

---

**Dendrotelma gombaközösségének és gerinctelen faunájának hosszútávú monitorozása**

A fitotelma egy időszakos, kisméretű víztest, mely a növény valamely részén alakul ki (pl. szárólelő leveleknél). A dendrotelma a fitotelma egy speciális típusa, mely természetes úton faodvakban, ágelágazásoknál alakul ki, melyben esővíz és nagy mennyiségű elhalt szerves anyag halmozódhat fel. A gombák ökológiai szerepét a dendrotelmákban mindeztáig nem vizsgálták. Vizsgálatom során egy dendrotelma (*Acer platanoides*) hosszútávú (2003-2008) monitorozása volt a cél, ezzel szélesebb körű ismeretekhez jutni a faodúk mikro-ökoszisztémájáról.

Az odúvízben található gombák eredete különböző: a levegőből (anemofil) és a lombkoronából (filloszféra) számos gombaspóra jut be, az ágakon lefolyó csurgalékvízzel pedig a kéreglakó gombák kerülnek az odúba. A körülmények a vízi gombák (főleg hyphomycetes) kolonizációjának is kedveznek. Kutatásom során 140 gombataxont detektáltam, melyek között számos ismeretlen és specifikusan odúlakó gombafajt is megfigyeltem.

A vizsgálat rámutatott, hogy a gombaspórák milyen jelentős részarányt képviselhetnek a telmákat is magába foglaló teresztris ökoszisztémában, fontos részét képezik az odúvízben kialakult táplálékhálózatnak, melyben az egyes guildok közötti szoros kapcsolat, különböző szabályozási útvonalak figyelhetők meg. A szervesanyag (avar, pollen) lebontásában a gombák mellett a gerinctelen fauna (kerekesférgek, ill. rovarlárvák) szerepe is megfigyelhető. Az egész faunát 11 taxon alkotta. A *Diptera* lárvák kolonizációja és elszaporodása negatív, marginálisan szignifikáns hatást gyakorol a *Protozoa* denzitására. A *Protozoa* és kerekesféreg-fajok, valamint a *Diptera* és *Rotifera* együttesek között viszont nem találtam jelentős kölcsönhatásokat.

A dendrotelma igen dinamikus, biodiverz ökológiai rendszer. Az éghajlati viszonyok és az adott időjárás változásai nagymértékben befolyásolhatják a dendrotelma mikroökoszisztémáját.

---

**VASS MÁTÉ**

Környezettan alapszak

BSc, 5. félév

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Padisák Judit*

*egyetemi tanár, PE MK*

*Dr. Révay Ágnes*

*osztályvezető-helyettes, Magyar Természettudományi Múzeum, Növénytár*

---

### **A vörösiszapár hatása a Torna-patak Ingold-féle gombaközösségére**

2010. október 4-én példátlan méretű, emberéleteket követelő ipari katasztrófa történt Ajka térségében. A Magyar Alumínium Termelő és Kereskedelmi Zrt. (MAL) tulajdonában lévő Ajkai Timföldgyár Ajka és Kolontár között létesített vörösiszap tározójának gátja átszakadt, és mintegy 600-700 ezer m<sup>3</sup> lúgos vörösiszap öntötte el Kolontár, Devecser és Somlóvásárhely mélyebben fekvő területeit. A szennyezés mintegy 40 km<sup>2</sup>-nyi területen terült szét, a Torna-patak élővilágát megsemmisítette, a Marcalét jelentősen károsította.

A katasztrófa után egy hónappal vízi hyphomycetes gombafajok jelenlétét állapítottam meg a Torna-patak szennyezett szakaszán. Ez a gombacsoport a felszíni vizek fontos ökológiai funkcióját, a lebontási folyamatokat végzi. 2011. február óta a Pannon Egyetem Limnológia Tanszék kutatóival együtt megkezdtem a mikrogomba-közösségek vizsgálatát a Torna-patak medrébe kihelyezett avarzsákok segítségével a patak devecseri, illetve annak Ajka-tósokberéndi, morfológiailag hasonló referencia szakaszán.

Kutatásom során meghatároztam, mely fajok kolonizálják az avart először (a), a gombák szukcesszióját (b), továbbá, összehasonlítottam az előbbi jellemzőket a Torna vörösiszappal érintett és referencia szakasza között (c).

Összesen 26 vízi hyphomyceta szervezet vett részt a kolonizálás, sporuláció (konídiumképzés) folyamatában az egyes avarfajokon (*Salix alba*, *Quercus cerris*, *Fagus sylvatica* és *Populus nigra*). *Tricladium* fajok, *Heliscus lugdunensis* és *Tetracladium marchalianum* voltak a legellenállóbb gombafajok az érintett, devecseri szakaszon.

A vízi hyphomycetes (Ingold-féle gomba) sikeresen megtelepedett, adaptálódott a katasztrófa által sújtott patakszakaszon.

---

## HIDROBIOLÓGIA II.

**2013. április 3., SZTE Biológiai épület, Kolosváry Gábor terem, 13:00-15:45**

**Zsúri: Prof. Dr. Padisák Judit, Dr. Somogyi Boglárka, Dr. Sárkány-Kiss Endre**

|             |   |
|-------------|---|
| 13:00-13:15 | <b>Bárdos Gergő (PE MK):</b> Az amuri kagyló ( <i>Anodonta woodiana</i> ) filtrációs kapacitásának vizsgálata a hőmérséklet függvényében  |
| 13:15-13:30 | <b>Csatári Gábor (BBTE BGK):</b> Makrofita-állományok összehasonlító vizsgálata Kolozs megye halastavain  |
| 13:30-13:45 | <b>Feri Diana (DE TTK):</b> <i>Cladocera</i> taxonok eloszlása a vízmélység és makro-vegetáció függvényében rakamazi holtmedrekben  |
| 13:45-14:00 | <b>Henn Bernadett (PE MK):</b> Magyarországi vízfolyások élőbevonatának kovaalga összetétele, fizikai - és kémiai paraméterei   |
| 14:00-14:15 | <b>Kati Sára (DE TTK):</b> Egy inváziós halfaj, az amurgéb ( <i>Perccottus glenii</i> Dybowski, 1877) táplálkozásökológiai vizsgálata   |
| 14:15-14:45 | szünet  |
| 14:45-15:00 | <b>Katona Bettina (DE TTK):</b> Pisztráng Halgazdasági telep (Miskolc-Lillafüred) modernizációjának hatásvizsgálata   |
| 15:00-15:15 | <b>Németh László, Berta Csaba, (DE TTK):</b> A Cibaki Holt-Tisza vízkémiai és ökotoxikológiai felmérése   |
| 15:15-15:30 | <b>Pálmai Tamás (PE MK):</b> Az <i>Arthrospira fusiformis</i> és a <i>Picocystis salinarum</i> fotoszintézisének karakterisztikái különböző fényintenzitásokon és hőmérsékleten |
| 15:30-15:45 | <b>Vitai Gabriella (DE TTK):</b> Vízzintscsökkenés hatásának tanulmányozása Rakamaz térségi Tiszai holtmedrekben  |

---

---

**BÁRDOS GERGŐ**

Környezettan B.Sc

BSc, 8. félév

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezető:*

*Hubai Katalin Eszter*

*PhD-hallgató, PE MK*

---

**Az amuri kagyló (*Anodonta woodiana*) filtrációs kapacitásának vizsgálata a hőmérséklet függvényében**

Az amuri kagyló (*Anodonta woodiana* vagy *Sinanodonta woodiana*) valószínűleg a kínai növényevő halak 1962-es telepítésekor került be a magyarországi vizekbe. Magyarországon 1984-ben írták le először a gyulai vár melletti tóban. Magyarországon invazív fajnak számít és ma már az egész ország területén megtalálható. Igen gyors növekedésű, nagytestű kagylófaj, az őshonos kagylófajoknál ellenállóbb és szélesebb ökológiai tűrőképességű faj. Nagyon gyors terjedésre képes, amit a magas reprodukciós potenciál és növekedési ráta mellett az is elősegít, hogy halszállítmányokkal terjed tovább, mivel lárvája a halakon élősködik. A kísérletekhez szükséges kagylók gyűjtését a Balatonból, a Szigligeti-öbölben végeztem nyílt vízfelszínen másfél méteres vízmélységből. A munkám során az amuri kagyló filtrációs kapacitását vizsgáltam laboratóriumi körülmények között, párhuzamosan egy hazai vizekben megtalálható fajjal, a tavi kagylóval (*Anodonta anatina*). 3-3 méretcsoportot alakítottam ki mind az amuri kagyló és mind a tavi kagyló esetében is (kicsi 7-10 cm, közepes 10-13 cm, nagy 13-15 cm). A filtráció mérésére ismert koncentrációjú háztartási élesztő (*Saccharomyces cerevisiae*) oldatot használtam, aminek a koncentráció csökkenését kezdetben óránként, az első másodi és a harmadik órában vettem, majd kétóránként az ötödik és a hetedik órában ellenőriztem. Az ismert oldatoknak az optikai denzitását (OD) mértem és ennek alapján elkészítettem egy analitikai mérőgörbét. Az ismeretlen mintáknak így meg tudtam határozni a koncentrációját. A mérések reggel 9 és délután 17 óra között történtek, tehát ezek az adatok a nappali filtrációt adják meg. A kísérletet 11-13 °C-os, 18-20 °C-os, és 23-25 °C-os vízhőmérsékleteken végeztem el. Méréseim során azt tapasztaltam, hogy az amuri kagyló szűrési kapacitása általánosságban nagyobb mértékű volt, mint a tavi kagyló filtrációja. Mindkét faj esetén a legnagyobb filtrációs kapacitást a 23-25°C-os víz hőmérséklet esetén tapasztaltam, a legkisebb szűrési kapacitást a 11-13 °C-os vízhőmérséklet esetén mértem. A tavi kagyló egyetlen egy esetben, a 18-20 °C-os vízhőmérsékleten mutatott nagyobb filtrációt az amuri kagylóval szemben, a kisméretű egyedek esetében. Megállapítható, hogy az amuri kagyló elterjedésével együtt járhat az őshonos kagylófajok visszaszorulása, amennyiben azonos niche-ért folyik a verseny. Azonban további kutatásokra van még szükség annak megállapítására, hogy milyen ökológiai változásokat okoz ennek a fajnak az elterjedése.

---

**CSATÁRI GÁBOR**

Ökológia és környezetvédelem  
BSc, 6. félév

BBTE - Babes-Bolyai Tudományegyetem  
Biológia Geológia Kar

*Témavezető:  
dr. Macalik Kunigunda  
egyetemi adjunktus, BBTE*

---

**Makrofita-állományok összehasonlító vizsgálata Kolozs megye halastavain**

Hazánkban a makrofiták mindmáig sikeres népszerűtlenségnek örvendenek, még a botanikusok körében is, annak ellenére, hogy nélkülük aligha beszélhetnénk diverz vízvivlágáról, mozaikos élőhelyről, kiegyensúlyozott táplálékhálózatról, hatékony ökológiai vízminősítésről és szennyvíztisztításról.

Jelen dolgozat célja 47 Kolozs megyei, halastóként kezelt víztér makrofita közösségeinek feltárása, feltérképezése. A felfedező jellegű munka eredményei segítséget nyújthatnak a szakmában dolgozóknak (botanikusok, hidrobiológusok). A dolgozat átfogó képet ad megyénk legfontosabb állóvízi élőhelyeiről és ezek jellemző növényállományairól.

A következő kérdésekre igyekeztünk válaszolni: Változik-e a makrofiták fajgazdagsága a tavak természetességének, degradáltságának függvényében? Vannak-e makrofita közösségük tekintetében rokon halastavak? Milyen ritka és adventív vízinövények élnek Kolozs megye halastavaiban? Milyen eloszlásbeli szabályszerűségeket mutatnak a makrofiták megyei szinten?

Összesen 69 makrofitát azonosítottunk. A tavak 96%-ban fokozottan zavarott területekkel voltak határosak: településekkel, legelőkkel, szántókkal, gyümölcsösökkel, kaszálókkal. Mintaterületeink zömét adventív, zavarástűrő és gyomnövények dominálták, melyek a degradáció indikátorai.

A vizsgált halastavak klaszter-análíziséből kiderült, hogy az egymáshoz közelebbi halastavak növényzete jobban hasonlít egymáshoz, mint a félreeső tavaké. A dendrogramon az egy vízgyűjtő területbe eső tavak többnyire egy csoportba kerültek. Néhány növényfaj szabályszerű eloszlást mutatott, szigorúan csak egy adott vízgyűjtő területen fordult elő.

Sajnálatos módon a legtöbb halastó degradált, zavarott, teleszemetelt környezetéből adódóan alacsony fajgazdagsággal bír.



---

**FERI DIANA**

Környezettudomány MSc.

MSc, 1. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:*

*Gyulai István*

*egyetemi tanársegéd, DE TTK*

---

***Cladocera* taxonok eloszlása a vízmélység és makro-vegetáció függvényében  
rakamazi holtmedrekben**

Hazai sekély állóvizeinkben faj- és egyedszám tekintetében az ágascsápú rákok (*Cladocera*) jelentős csoportot alkotnak és viszonylag nagy fajszámmal fordulnak elő. A *Cladocera* fajok – planktonikus és bentikus szervezetek is – recens populációinak vizsgálatával feltárhatjuk a jelenlegi biodiverzitást a taxonómiai és genetikai sokféleség szintjén, és ugyanilyen jellegű kutatást végezhetünk korábbi, évtizedekkel előbb élt populációkra is. Munkánk során vizsgáltuk, hogy az üledékben minőségileg és mennyiségileg is nagyobb számban fordulnak-e elő a *Cladocera* fajok, mint a vízben illetve, hogy a szűrt és üledékminták egyed és fajszáma megegyezik-e ugyanolyan makrovegetáció esetében. Munkánk során három holtmedret mintáztunk Tokaj-Rakamaz területén. A mintavételezés 2011 augusztusában és szeptemberében történt. Az egyik holtmedernél hat mintavételi helyről vettük a mintákat, eltérő makrovegetációval rendelkező helyeken, a másik holtágnál negy mintavételi helyről, különböző mélységekből. Az utolsó mintavételi helyről csak egy ponton mintáztunk a majdnem egységes makrovegetáció miatt. A végső értékelések során megállapíthattuk, hogy a mintavételi helyek fajszervénynek bizonyultak, de megállapítható jelentősebb különbség a szűrt és a lágyüledék minták eredményei között, illetve a vízmélység befolyását is megállapíthatjuk.

---

**HENN BERNADETT**

Környezettan

BSc, 7. félév

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Stenger-Kovács Csilla*

*egyetemi adjunktus, PE MK*

*Lengyel Edina*

*PhD-hallgató, PE MK*

---

### **Magyarországi vízfolyások élőbevonatának kovaalga összetétele, fizikai - és kémiai paramétere**

Az utóbbi évtizedekben a vízfolyások vízminőségük romlása miatt fokozott figyelmet kaptak, fontossá vált ökológiai állapotuk felmérése és nyomon követése.

Az Európai Unió programja a Víz Keretirányelv (VKI) célja, hogy 2015-re a vízfolyások elérjék a jó ökológiai és kémiai állapotot. Az Európai Unió tagállamai a kisvízfolyások vízminőségének vizsgálatához több élőlénycsoport mellett a kovaalgák ökológiáján alapuló minősítési rendszert részesítik előnyben, mert ez a csoport nagyon jól reagál az antropogén hatásokra, s ez által alkalmas a vízminőség megállapítására.

Kutatásom elsődleges célja a hazai kisvízfolyások kovaalga flórájának és összetételének feltérképezése, valamint a víz fizikai - és kémiai paramétereinek felmérése, valamint ezek eredmények alapján a vízfolyások ökológiai állapotának minősítése. A mintavételekre 2010 nyarán került sor. A feldolgozott 57 mintában 111 fajt azonosítottam, ezek közül 35 fajt tekintettem dominánsnak, az azonosított fajok kozmopoliták és az eutróf,  $\beta$ -mezoszaprób vizekre jellemzők. A domináns fajok alapján a cluster-analízis által két csoportot tudtam elkülöníteni. Az első csoportot a dombvidéki jellegű, a másik csoportot a sík és dombvidéki jellegű vízfolyások egyaránt alkotják. A fajok konstanciáját vizsgálva a vízfolyások 80%-ban megtalálható fajok a *Cocconeis placentula* és a *Nitzschia palea*. A vízfolyások Shannon diverzitása 0,5 – 4,17 között volt. A Spearman rang-korreláció vizsgálata alapján a legtöbb fajjal az  $\text{NH}_4\text{-N}$ , míg a legkevesebb fajjal a pH, a hidrogén-karbonát, a vezetőképesség mutatott korrelációt. Az IPS index eredménye alapján elmondható, hogy a vízfolyások 53%-a a jó ökológiai állapotú kategóriába tartozik.

A PCA analízis alapján kilenc paraméter (a DO, a DO%, a  $\text{NO}_3\text{-N}$ , a  $\text{SiO}_2$ , a vezetőképesség, a  $\text{HCO}_3^-$ ,  $\text{Cl}^-$ , a pH és a  $\text{PO}_4\text{-P}$ ) volt meghatározó a vízfolyásokban. A vízfolyások MSZ 12749:1993 szabvány szerinti osztályozása megmutatja, hogy a vizek jelentős része a kiváló és a jó kategóriába tartozik. Kis százalékban találni szennyezett és erősen szennyezett vízfolyást is. A 10/2010. (VIII. 18.) VM rendelet alapján a vízfolyások 70%-a jó vízminőségű.

---

**KATI SÁRA**

Hidrobiológus MSc

MSc, 9. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Erős Tibor*

*tudományos főmunkatárs, MTA Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai*

*Intézet*

*Antal László*

*egyetemi tanársegéd, DE TTK*

*Mozsár Attila*

*PhD-hallgató, DE TTK*

---

**Egy inváziós halfaj, az amurgéb (*Perccottus glenii* Dybowski, 1877)  
táplálkozásökológiai vizsgálata**

Az utóbbi két évtizedben a Távol-Keletről származó amurgéb (*Perccottus glenii*) inváziója figyelhető meg Kelet- és Közép-Európában. A gazdaságilag nem hasznosított halfaj ökológiai szerepéről azonban igen hiányos ismeretek állnak rendelkezésre. Munkánk során az amurgéb részletes táplálkozásökológiai elemzését tűztük ki célul egy állóvízben (Rakamazi Nagy-morotva) és egy vízfolyásban (Lónyai-főcsatorna). A mintavételekre 2011-ben került sor, három alkalommal: április, július és október hónapokban.

A legjelentősebb táplálékszervezeteknek, az árvaszúnyogok (*Chironomidae*), szitakötők (*Odonata*), rákok (*Crustacea*) illetve kérészek (*Ephemeroptera*) bizonyultak. A faj táplálkozásának intenzitásában nem tapasztalható méret, évszak és hely által befolyásolt változás. Táplálékának összetételét legfőképp a méret befolyásolja, amelynek hatása erősebbnek bizonyult az élőhelyi és évszaki hatásoknál is. A 20mm alatti egyedek mindössze néhány csoportot fogyasztottak (árvaszúnyogok, kérészek, planktonikus rákok). A 20-60 mm-es egyedek táplálékának alapját az árvaszúnyogok jelentették, emellett fogyasztott még kérészeket, szitakötőket és rákokat. A 60mm feletti egyedek esetében lecsökkent az árvaszúnyogok jelentősége, és megnőtt a nagyobb méretű táplálékalakotók, mint például a halak, csigák (*Gastropoda*) szerepe. A táplálékkészlet összetételével összehasonlítva az amurgéb a legtöbb hónapban preferenciát mutatott az árvaszúnyogokra, egyes hónapokban a kérészek és a szitakötők is a preferált táplálékok között szerepeltek.

Kutatásaink igazolják, hogy az amurgéb a vízi táplálékhálózat számos szintjét (kompartimentjét) befolyásolhatja, elsősorban azonban a makroszkopikus gerinctelen szervezetek hatékony predátora. További kutatások szükségesek annak megismerésére, hogy az amurgéb inváziója milyen mértékben módosítja az édesvízi élőlényközösségek szerveződését, és a faj élőhelyi preferenciájának és táplálkozási szokásainak köszönhetően különösen néhány veszélyeztetett halfaj, mint pl. a fokozottan védett lápi póc (*Umbra krameri*) állományainak dinamikáját.

---

**KATONA BETTINA**

Környezettan BSc

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Gyulai István*

*egyetemi tanársegéd, DE TTK*

*Veres Zoltán*

*PhD-hallgató, DE TTK*

---

**Pisztráng Halgazdasági telep (Miskolc-Lillafüred) modernizációjának  
hatásvizsgálata**

Vizsgálataink a Lillafüredi pisztrángtelep működését érintik. Célunk, a vizsgálatokkal a még meg nem épült recirkulációs rendszer előtti, építése közbeni és az átadás követő vízkémiai állapotok mérése. Vízkémiai állapot feltárás során jelentős változásokat tapasztaltunk, melyeket statisztikai módszerrel is kiértékeltek. A telepet öt funkciócsoportra osztottuk mintavételi helyek alapján. Szignifikáns változások voltak tapasztalhatóak a nitrogén háztartásban, ahol az ammónia nitrifikáció során nitráttá alakult. Levegőanyag tekintetében is pozitív előre lépés történt, 20-30%-al csökkent. A víz kémiai oxigénigénye is csökkent, ami kevesebb szervesanyag tartalomra utal. Összességében a pisztrángtelepen a haltenyésztéshez elengedhetetlen víz minősége javult, ez gazdasági szempontból is jelentős előrelépés.

---

**NÉMETH LÁSZLÓ**

Környezettan  
BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

**BERTA CSABA**

Környezettan BSc  
BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Gyulai István*

*egyetemi tanársegéd, DE TTK*

*Veres Zoltán*

*PhD-hallgató, DE TTK*

---

### **A Cibaki Holt-Tisza vízkémiai és ökotoxikológiai felmérése**

Magyarországon a holtágak a Duna és Tisza folyók mesterséges szabályozásával, illetve természetes lefűződéssel jöttek létre. A Tisza folyó szabályozása Gróf Széchenyi István vezetésével kezdődött 1846 Aug. 27-én Vásárhelyi Pál tervei alapján. Az évek során létrejött egy olyan rendszer, amely Európában egyedülálló módon igen kimagasló természeti értéket képvisel azzal, hogy a folyóvölgyek kultúrtáj jellege mellett megőrizte a táj folyószabályozások előtti természetes arculatát.

A Cibakházi Holt Tisza az egyik legnagyobb Tisza menti holtág. Jellegzetes állat faunával és növényi flórával rendelkezik, előfordulnak ritka fajok is.

A holtág pár évtizede külső szennyező terhelést kapott, illetve eutrofizációra utaló folyamatok figyelhetők meg. Vizsgálatunk céljaul nagy mérete, valamint változatos növény és állatvilága miatt választottuk.

A holtágon vízkémiai, ökotoxikológiai és általános fizikai vizsgálatokat végeztünk 15 különböző mérési ponton. A szakdolgozatunkban bemutatjuk a holtágot, annak múltját, és a jelenlegi állapotát. Céljaink között szerepelt még a nyíltvízi és a növényvel borított területek összehasonlítása. Valamint a három elkülöníthető, de egymással kapcsolatban lévő bögék összehasonlítása.

---

**Az *Arthrospira fusiformis* és a *Picocystis salinarum* fotoszintézisének  
karakterisztikái különböző fényintenzitásokon és hőmérsékleten**

Afrikai trópusi sós tavak esetében megfigyelték, hogy az *Arthrospira fusiformis* fonalas kékalga kezd visszaszorulni egy zöld pikoalga (*Picocystis salinarum*) megjelenése és intenzív növekedése miatt. Az *A. fusiformis* a kis flamingók fő tápláléka, melyhez a víz szűrése révén jutnak hozzá. A flamingók a piko mérettartományba eső zöldalgát nem képesek szűrni, melynek eredményeképp már több tó esetében megfigyelték a flamingók elvándorlását. A két algafaj fotoszintetikus aktivitását azonos feltételek mellett még nem vizsgálták korábban. Annak megértése végett, hogy miként képes a *P. salinarum* relatíve rövid idő alatt kiszorítani élőhelyéről egy fonalas kékalgát, és ezáltal megbontani a táplálékláncot, fotoszintézis méréseket végeztem. Munkám során trópusi tóból származó *A. fusiformis* és *P. salinarum* tenyészetek fotoszintetikus aktivitását vizsgáltam laboratóriumi körülmények között. A méréseket különböző hőmérsékleten (10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45 °C) és 9 különböző fényintenzitáson (0-1200  $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ) végeztem oldott oxigén koncentráció változásának nyomon követésével. A mért adatokból megszerkesztettem a fotoszintézis-fényintenzitás (P-I) görbéket, és fotoszintézis modellek segítségével meghatároztam a fotoszintetikus paramétereket. A biomasszára vonatkoztatott maximális fotoszintézis mértéke (PBmax) mindkét faj esetében az alacsonyabb hőmérséklet tartományban (10-15 °C) volt a legkisebb, és a hőmérséklet növekedésével nőtt. 45°C-on az *A. fusiformis* aktivitása a 35 és 40 °C-os aktivitáshoz képest csökkent, de még mindig jelentős volt az alacsonyabb hőmérsékletekhez viszonyítva. A *P. salinarum* már nem bírta a legmagasabb hőmérsékletet, fotoszintetikus aktivitása drasztikusan lecsökkent. Eredményeim azt mutatják, hogy mindkét faj fotoszintézisének a 30-40 °C hőmérséklet tartományban van az optimuma. Jelentős különbség volt azonban fajok fényadaptációja között. A *P. salinarum* fényadaptációs paramétere nagyon alacsony, így valószínűsíthető, hogy jól tűri más fajok (pl. a fonalas kékalgák) árnyékolását, illetve az önárnyékolást. Az *A. fusiformis* magasabb fényintenzitásokhoz adaptálódott, a megfelelő fényintenzitás eléréséhez lebegésregulációval képes a helyét változtatni a vízoszlopban. Eddigi eredményeim alapján látható, hogy sem a hőmérséklethez, sem a fényhez nem alkalmazkodott kiemelkedően jobban a *P. salinarum*, ami további változók (pl. sókoncentráció, ionösszetétel) vizsgálatát teszi szükségessé.

---

**VITAI GABRIELLA**

Környezettudomány

MSc, 1. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Lakatos Gyula*

*egyetemi docens, DE TTK*

*Kundrát János Tamás*

*PhD-hallgató, DE TTK*

---

**Vízszintcsökkenés hatásának tanulmányozása Rakamaz térségi Tiszai  
holtmedrekben**

Vizsgálataink a Nagy-Morotva holtágrendszeréhez kapcsolódó holtmedrekre terjedtek ki és végig arra törekedtünk, hogy a különböző növény állománnyal borított vizes élőhelyeket a mintavétel jól reprezentálja. Célunk az volt a vizsgálatokkal, hogy egy átfogó ismeretet kapjunk a Nagy-Morotva menti holtmedrek állapotáról, és a vízminőségéről. A helyszínen a fizikai és kémiai paraméterek mérését végeztük, és a mintavételt gyors laboratóriumi feldolgozás követett. A vízmintákat a Nagy-Morotva holtág rendszeréhez tartozó Nagy-Mester tóból és a Kis-Zátony tóból vettük. Természeti adottságok alapján a Nagy-Mester tavat két részre osztottuk, Rak1 és Rak2 mintavételi helyet választottuk ki. A Kis-Zátony tó pedig Rak 3 elnevezést kapta. A mintavételt nyári és téli évszakokban végeztük el, hogy az eredményeinket össze tudjuk hasonlítani. A mintákat a következő időpontokban vettük: 2011 júliusában, 2012. február és 2012. július. 13 mintavételi helyet úgy jelöltük ki, hogy köthetők legyenek különböző makrovegetációhoz. Eredményeink alapján azt állapítottuk meg, hogy az eltérő vegetációjú vízterek között szignifikáns vízminőségi különbségek voltak megállapíthatók, továbbá mind a három holtmeder jól elkülönült egymástól.

---



---

## IMMUNOLÓGIA

2013. április 3., ETSZK „B” épület (Bal fasor), EB-001-8 terem, 8:00-11:30

Zsűri: Prof. Dr. Sarkadi Balázs, Dr. Nagy István, Dr. Prechl József

|             |  |
|-------------|--|
| 8:00-8:15   | <b>Bankó Zsuzsanna</b> (ELTE TTK): A rheumatoid arthritises betegek szervezetében található B limfociták fehérjéinek szignalizációs profilja |
| 8:15-8:30   | <b>Bolla Beáta Szilvia</b> (SZTE TTIK): Keratinocita aktivációs folyamatok szerepe a pattanásos betegség (acne) patogenezisében              |
| 8:30-8:45   | <b>Csonka Katalin</b> (SZTE TTIK): A <i>Candida parapsilosis</i> sensu lato csoport által kiváltott immunválasz vizsgálata                   |
| 8:45-9:00   | <b>Erdei Lilla</b> (SZTE TTIK): A pattanásos betegség (acne) molekuláris patogenezisének vizsgálata  |
| 9:00-9:15   | <b>Gábor Erika</b> (SZTE TTIK): A vérsejtképzés és a veleszületett immunitás vizsgálata rovarokban. A házi méh sejtközvetítette immunitása   |
| 9:15-9:30   | <b>Kaszab Eszter</b> (ELTE TTK): CD40 és TLR9 stimulus hatása az antigénprezentációra  |
| 9:30-10:00  | szünet   |
| 10:00-10:15 | <b>Kriston Csilla</b> (ELTE TTK): A CR3 és CR4 komplement receptorok szerepe humán fagociták adherenciájában                                 |
| 10:15-10:30 | <b>Makra Ildikó</b> (PTE TTK): Anginex és anginex foldamer, avagy hogyan gátoljuk a tumor növekedést a galektin-1-en keresztül?              |
| 10:30-10:45 | <b>Pap Ramóna</b> (PTE TTK): Van-e szerepe a természetes autoantitesteknek iszkémiás szívbetegségekben?                                      |
| 10:45-11:00 | <b>Schwaner Endre</b> (ELTE TTK): Új kapcsolat a komplement-rendszer és az endotélsejtek között: a MASP-1 hatása az endotélsejtekre          |
| 11:00-11:15 | <b>Temesfői Viktória</b> (SZTE TTIK): Melanoma sejt vezérelte exoszómák immunmoduláns hatásainak vizsgálata                                  |
| 11:15-11:30 | <b>Veszeli Nóra</b> (ELTE TTK): Komplement diszfunkciók Neuro-myelitis optica-ban  |

---

---

**BANKÓ ZSUZSANNA**

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Sármay Gabriela*

*egyetemi tanár, ELTE TTK*

*Szili Dániel*

*tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK*

---

**A rheumatoid arthritises betegek szervezetében található B limfociták fehérjéinek szignalizációs profilja**

A rheumatoid arthritis (RA) olyan szisztémás autoimmun betegség, melynek kialakulásában fontos szerepet játszik az immunrendszer aktiválódása. A betegekben található autoantitestek képzéséért a saját struktúrákat felismerő autoimmun B limfociták felelősek. A naív B sejtek ellenanyag-termelő plazmasejtté valóéréséhez elengedhetetlen a B sejt receptoron (BCR) keresztül érkező jel. Ezen felül egyéb receptorokon keresztüli stimulus is hozzájárulhat a B sejtek aktiválódásához: a *Toll like* receptorok családja a mintázatfelismerő (*pattern recognition*) receptorok (PRR) közé tartozik. A TLR9 a bakteriális eredetű DNS-t ismeri fel, ezzel a B limfociták proliferációját, izotípus váltását és plazmasejttéérését stimulálja, ezáltal hozzájárulhat autoimmun betegségek kialakulásához.

Az irodalomból ismert, hogy RA-s betegekben és egészségesekből izolált B sejtek jelátviteli molekuláinak nyugalmi foszforilációját összehasonlítva eltérések figyelhetők meg. Kutatásunk során két különböző, a sejt aktiválódásában fontos kináz (p38, ERK) és egy transzkripciósfaktor (CREB) foszforiláltságát mértük BCR és/vagy TLR9 stimulus után áramlási citofluoriméteren. Több mintában különbségeket találtunk az egészségesek és a betegek B sejtjei között a kinázok illetve a CREB transzkripciósfaktor aktivációjának mértékében.

A foszforilációs mintázatok feltérképezése RA-s betegek B sejtjeiben új információkat szolgáltat a betegség jobb megértéséhez.

---

**BOLLA BEÁTA SZILVIA**

Biológus

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Szabó Kornélia*

*tudományos főmunkatárs, MTA-SZTE Dermatológiai Kutatócsoport*

---

### **Keratinocita aktivációs folyamatok szerepe a pattanásos betegség (acne) patogenezisében**

Külső környezeti hatások eredményeképpen az epidermális keratinociták aktivált állapotba kerülnek, mely állapotban számos sejtbiológiai sajátosságuk eltér az alap állapothoz képest; hiperproliferatívvá válnak, és a fiziológiástól eltérő differenciációs folyamatok indulnak bennük. Ezen aktivált állapotnak fontos szerepe van számos patogén folyamat (sebgyógyulás, pikkelysömör) kialakulásában.

Munkánk során arra a kérdésre kerestünk választ, hogy vajon a fenti folyamatoknak szerepe lehet-e az egyik leggyakoribb gyulladásos bőrbetegség, az acne patogenezise során, valamint hogy a betegség kialakulása során szerepet játszó *Propionibacterium acnes* (*P. acnes*) baktériumnak van-e valamilyen funkciója ezen aktivált állapot kialakításában, és a léziók kialakulása során megfigyelhető abnormális keratinocita funkciók indukciójában.

Munkánk során ezért *in vitro* modell rendszerben, tenyésztett immortalizált keratinocitákban (HPV-KER) valós idejű RT-PCR módszerrel vizsgáljuk a baktérium-indukálta veleszületett immun, és gyulladásos folyamatok szabályozásában szerepet játszó gyulladáskeltő citokinek (TNF-alfa, IL1-alfa) mRNS szintű kifejeződésének megváltozását valós idejű RT-PCR módszerrel. Vizsgálataink során eltérő baktérium - keratinocita arányt használtunk (*multiplicity of infection* = MOI: 25,50,100,200,300), és a kezelést követő 6 és 24h elteltével mintákat vettünk.

Eredményeink azt mutatják, hogy 6 órával a baktériumkezelést követően mindkét citokin mRNS kifejeződése a baktériumok számának növekedésével párhuzamosan nő. 24 óra elteltével a vizsgált citokin mRNSek kifejeződése alacsony MOI-k esetén (25,50,100) a 0 órás kezletlen kontroll értékekhez közelít, míg magasabb arányoknál (MOI 200,300) még ebben az időpontban is enyhén emelkedett citokin mRNS szintek detektálhatóak.

Eredményeink arra utalnak, hogy a *P.acnes* által indított molekuláris folyamatok mértéke függ a HPV-KER sejtek környezetében található baktériumok mennyiségétől. További vizsgálatainkban arra a kérdésre keresünk majd választ, hogy hasonló folyamatoknak szerepe lehet-e az egyéni klinikai tünetek súlyosságában megfigyelhető különbségek kialakulásához.

Vizsgálatainkkal közelebb kerülhetünk a leggyakoribb gyulladásos bőrbetegség, az acne patogenezisének jobb megértéséhez.

---

**CSONKA KATALIN**

Biológia

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Gácsér Attila*

*tudományos főmunkatárs, SZTE TTIK*

---

### **A *Candida parapsilosis sensu lato* csoport által kiváltott immunválasz vizsgálata**

A *Candida* fajok által okozott invazív fertőzések gyakorisága az utóbbi három évtizedben világszerte jelentősen megnövekedett. Habár a *C. albicans* a leggyakrabban izolált faj, a nem-*albicans Candida* fajok is jelentős szerepet játszanak a kiterjedt gomba fertőzések kialakulásáért. A *C. parapsilosis* a második leggyakrabban azonosított kórokozó invazív candidiasisban 18 év alatti betegek esetében. 2005-ben a genetikai heterogenitása alapján a *C. parapsilosis*-t három csoportra osztották: *C. parapsilosis sensu stricto*, *C. orthopsilosis* és *C. metapsilosis*. A három faj eltérő fertőzőképességgel és gyógyszer-érzékenységgel rendelkezik.

Munkánk során a *C. parapsilosis sensu stricto*, *C. metapsilosis* és *C. orthopsilosis* által kiváltott természetes immunválaszt vizsgáltuk. Hogy megfigyeljük a kiváltott természetes immunválaszt a *Candida* fajok immunológiai felismerésében szerepet játszó Toll-like receptorok (TLR), illetve C-típusú lektin receptorok (Dectin 1 és Dectin 2) expressziójának változását mértük egér és humán sejtvonalakon qRT-PCR módszert alkalmazva. A mérések *in vitro* körülmények között 3, 8 és 12 órás fertőzések után történtek. Következő lépésként human perifériás vérből származó mononukleáris sejteket (PBMC) inkubáltunk *C. parapsilosis sensu stricto*, *C. metapsilosis* és *C. orthopsilosis* vad típusú törzseivel, majd adott idő elteltével meghatároztuk a szekretált IL-1 $\beta$  gyulladásos citokin koncentrációját a sejtkultúrák felülúszóiban enzim-kötött immunoszorbens próba (ELISA) segítségével. A szekretált IL-1 $\beta$  koncentrációjának mérése 24 óra után történt. A gazda-patogén interakció teljesebb megfigyeléséhez a human vérből szeparált polimorfonukleáris (PMN) sejtek fagocitáló és ölő képességét is meghatároztuk. A *time-killing* módszer eredménye alapján a *C. metapsilosis* fajjal szemben mutattunk ki nagyobb mértékű ölést a *C. parapsilosis sensu stricto*, *C. metapsilosis* és *C. orthopsilosis* összehasonlításában.

---

**ERDEI LILLA**

biológus

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Szabó Kornélia Ágnes*

*tudományos főmunkatárs, MTA-SZTE Dermatológiai Kutatócsoport*

---

### **A pattanásos betegség (acne) molekuláris patogenezisének vizsgálata**

Az acne a serdülőkori populáció nagy százalékát érintő gyulladásos bőrbetegség, melynek kialakulásában a *Propionibacterium acnes* (*P. acnes*) baktérium fontos szerepet játszik.

Az epidermális keratinociták képesek a *P. acnes* felismerésére, és ellenük aktív védő folyamatok indítására, melynek során patogénfelismerő *Toll-like* receptorok (TLR2-4) aktiválódnak. Ennek eredményeképpen jelátviteli folyamatok indulnak a sejtek citoplazmájában, melynek központi eseménye az NF- $\kappa$ B transzkripció faktor aktivációja, ami fontos szerepet játszik proinflammatorikus molekulák szintézisének szabályozásában. Ismertek olyan endogén negatív szabályozó folyamatok, melyek kiemelkedő fontosságúak a fenti folyamatok kontrollálásában. Munkánk során célunk ezek egyes elemeinek megismerése és jellemzése *in vitro* tenyésztett immortalizált keratinocitákban (HPV-KER).

Kísérleteinkben a szignálfolyamatok különböző szintjein ható, a TLR szignálfolyamatait negatívan szabályozó gének (SIGIRR, TOLLIP, TNFAIP3) mRNS szintű kifejeződését, és ezek változását vizsgáltuk a *P. acnes* 889 baktérium hatására valós idejű RT-PCR módszerrel. Emellett elemeztük az NF- $\kappa$ B transzkripció faktor aktivációjának mértékét különböző kísérleti paraméterek mellett Western-blot módszerrel.

Eredményeink azt mutatják, hogy mind a három vizsgált negatív szabályozó gén jelen van mRNS szinten a HPV-KER sejtekben. A TNFAIP3 expressziója tranziens változást mutatott, mely a kezelést követően 6-12 órával érte el maximumát. Ezek a folyamatok dózisfüggőnek bizonyultak. Western vizsgálatainkban azt is megfigyeltük, hogy a fenti dózisfüggő változások háttérében az NF- $\kappa$ B dózisfüggő aktivációja, és nukleáris transzlokációja állhat.

Eredményeink arra utalnak, hogy az általunk használt *in vitro* modell rendszerben a jelen levő *P. acnes* baktérium mennyiségétől függően dózisfüggő TLR aktiváció következik be. Ezen folyamatok kordában tartásában és az epidermális homeosztázis visszaállításában szerepet játszó gének mRNS szintű kifejeződése nemcsak igazolható a HPV-KER sejtekben, de a TNFAIP3 dózisfüggő aktivációja is megfigyelhető a baktériumkezelés hatására. A kiváltott pozitív és negatív szabályozó folyamatok aránya fontos lehet a veleszületett immun, és gyulladásos folyamatok erősségének, így a kialakuló acnés tünetek súlyosságának meghatározásában.

Eredményeink hozzájárulhatnak a serdülőkorú populáció életminőségét nagyban meghatározó, gyakori bőrbetegség kialakulásának jobb megismeréséhez.

---

**GÁBOR ERIKA**

Biológus

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Andó István*

*laborvezető, tudományos tanácsadó, MTA SZBK Genetikai Intézet, Immunológia*

*Csoport*

*Dr. Török Tibor*

*egyetemi docens, SZTE TTIK*

---

**A vérsejtképzés és a veleszületett immunitás vizsgálata rovarokban. A házi méh sejtközvetítette immunitása**

A házi méh a *Hymenoptera* rendbe tartozó, kolóniákban élő, kozmopolita elterjedésű rovar. Az egyik legfontosabb faj a növények beporzásában, ezáltal a biodiverzitás kialakításában és nélkülözhetetlen a méztermelésben. A kolóniákat mikróbák és paraziták károsítják, amelyekkel szembeni védekezésben immunrendszerének kitüntetett szerepe van. Az utóbbi években világszerte egyre gyakoribbá vált a kolóniák tömeges pusztulása, amely súlyos gazdasági következményeket von maga után. A gazdasági károk csökkentéséhez, alapvető a kórokozó-gazdaszervezet kölcsönhatásának feltárása, melyhez elsősorban a gazdaszervezet immunrendszerének megismerésén keresztül vezet az út. A házi méh a többi rovarfajhoz hasonlóan humorális és sejt közvetítette immunitással rendelkezik, melyeknek fő elemei az antimikrobiális peptidek, és a vérsejtek. Mivel szociális faj, alternatív stratégiákat is alkalmaz, mint például a tisztogatási tevékenység vagy a „kaptárláz”, ezért immunrendszere is, a már részletesen tanulmányozott modellszervezetekhez képest, speciális elemeket tartalmazhat. Az eddig azonosított humorális komponensek száma a nem szociális faj *Drosophila melanogaster*-hez képest alacsonyabb, azonban a sejt közvetítette válaszról szerzett ismereteink minimálisak. Hemolimfájában vérsejtek, az ún. hemociták keringenek, azonban a vérsejteknek sem a funkciója, sem az eredete nem ismert, és vérsejtképző szövetek meglétéről sem tudunk.

Célunk a házi méh vérsejtjeinek jellemzésére alkalmas vizsgálórendszer létrehozása. Immunológiai markereket azonosítottunk, melyeket a lárva és a kifejlett egyed keringő vérsejtjein adott reakciómintázatuk alapján csoportosítottunk, valamint kapcsolatot kerestünk a markerek expressziója és a vérsejtek funkciója között. A vérsejt-specifikus markerek alkalmasak lehetnek a házi méh sejtközvetítette immunválaszáinak a vizsgálatára és a vérsejtképző szövetek azonosítására.

---

**KASZAB ESZTER**

Biológia

BSc, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Prechl József*

*tudományos főmunkatárs, MTA-ELTE Immunológiai Kutatócsoport*

---

### **CD40 és TLR9 stimulus hatása az antigénprezentációra**

Kísérleteinkben az antigénprezentáló sejteket (APC) érő hatások integrációját vizsgáltuk egy kostimuláló receptor (CD40) és egy mintázatfelismerő receptor (TLR9) aktiválása által. A CD40 kereszt kötése szabályozza az APC-k aktiválódását, érését, a B-sejtek proliferációját. A TLR9-nek metilálatlan CpG DNS mintázatok felismerésében van szerepe, ezáltal elindítja a B-limfociták osztódását és indukálja a gyulladásos citokinek termelődését.

Kísérleteinket egy ovalbumin peptidre (OVA) specifikus transzgenikus TCR-rel rendelkező egértörzs (DO11.10) lépsejt szuszpenzióján végeztük. Az OVA-val konjugált komplexek irányítása a CD40-hez rekombinánsan előállított monobiotinilált egyláncú ellenanyag fragmentummal (FGK), a TLR9-hez pedig monobiotinilált oligonukleotiddal (CpG) történt. Az alkalmazott komplexek a következők voltak: SA-OVA, SA-FGK, SA-CpG, SA-FGK-OVA, SA-CpG-OVA. Komplexeink kötődését és sejtaktiváló hatását áramlási citofluorimetriával vizsgáltuk.

Megállapítottuk, hogy az OVA-t tartalmazó komplexek minden formában hasonló mértékű T-sejt aktivációt eredményeztek, míg a B-sejtek változó mértékben aktiválódtak. Az antigénprezentáció következményeként kialakuló B-sejt aktivációt egyedül a CpG jelenléte fokozta. A CD40-et felismerő agonista FGK önmagában nem aktiválta a sejteket és az antigénbemutató hatékonyságát sem befolyásolta.

Az eredményeink alapján az antigént bemutató B-sejtek aktivációja tovább fokozható, amennyiben az antigén CpG oligonukleotidokat hordoz.



---

**KRISTON CSILLA**

Biológus MSc

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Sándor Noémi**tudományos munkatárs, ELTE TTK**Dr. Bajtay Zsuzsa**habilitált egyetemi docens, ELTE TTK*

---

**A CR3 és CR4 komplement receptorok szerepe humán fagociták adherenciájában**

A CR3 (CD11b/CD18) és CR4 (CD11c/CD18) komplement receptorok a  $\beta 2$  integrinek családjába tartoznak. Szerepük meghatározó a citoskeletális átrendeződéssel kapcsolatos folyamatokban, mint az iC3b komplement fragmentummal opsonizált részecskék fagocitózisa, a transzendenteliális migráció és az adherencia. A CR3 és CR4 receptorok nagyban átfedő ligandum-specifitással (iC3b, fibrinogén, ICAM-1, stb.) és rendkívül hasonló molekuláris szerkezettel rendelkeznek. Ezen tulajdonságok miatt funkciójukat is sokáig hasonlóknak tekintették. Kutatócsoportunk legújabb eredményei szerint az iC3b-vel opsonizált mikrobák fagocitózisában a CR3 szerepe meghatározó, míg a CR4 elhanyagolható. Jelen kísérleteinkben arra kerestük a választ, hogy a monocitából makrofággá, illetve dendritikus sejté történő differenciálódáshoz szükséges adherenciában milyen szerepet játszik a CR3 és CR4. Különböző sejtípusok (monocita, makrofág, dendritikus sejt) adherenciáját vizsgáltuk fibrinogénhez, mely a két receptor közös liganduma. Először áramlási citofluorimetriás mérésekkel összehasonlítottuk a vizsgált sejtípusok CD11b és CD11c expresszióját. Fluoreszcens mikroszkópiával megvizsgáltuk, hogyan befolyásolja a sejtek kitapadását az idő, a fibrinogén koncentrációja és a hőmérséklet. Vizsgálataink alapján beállítottuk a primer humán monociták, makrofágok és dendritikus sejtek adherencia-vizsgálatának optimális körülményeit. Ezt követően megnéztük, hogy a CD11b és CD11c láncok specifikus ellenanyaggal történő blokkolása hogyan hat az adherenciára. Azt tapasztaltuk, hogy mind a CD11b, mind a CD11c szerepet játszik a sejtek kitapadásában, de eltérő mértékben. Adataink alapján a folyamatban a CR4 szerepe meghatározóbb normál körülmények közt. Eddig az irodalomban a CR4 adhézióban betöltött meghatározó szerepét csak előzetesen aktivált sejteken igazolták. Megvizsgáltuk, hogy a fibrinogénhez történő adherencia hogyan befolyásolja monociták makrofággá és dendritikus sejté differenciálódását. Azt találtuk, hogy fibrinogénnel fedett felszínen történő fejlődés esetén mind a makrofágok, mind a dendritikus sejtek CD11c, CD14, MHCII expressziója csökken, a CD86 felszíni kifejeződése viszont nő. További kísérleteinkben tervezzük megvizsgálni, hogy a CD11b és CD11c receptorok blokkolása hogyan hat a monociták fibrinogén felszínen történő makrofággá vagy dendritikus sejté differenciálódására.

**Anginex és anginex foldamer, avagy hogyan gátoljuk a tumor növekedést a galektin-1-en keresztül?**

A szilárd tumorok növekedésük során serkentik az új erek kialakulását, az angiogenezist, melynek gátlása a rákterápiában ígéretes irányvonal. Ilyen módszerek kidolgozása-kor az érképződésben szerepet játszó bioaktív fehérjéket veszik célba. A galektin-1 (Gal-1), egy endogén lektin, is jelentős szereppel bír az angiogenezis folyamatában, mivel támogatja az endotél sejtek aktiválódását, osztódását és migrációját. Ehhez Kevin H Mayo amerikai kutató által közölt szintetikus oligopeptidet, az anginexet használtuk kiindulópontként, mely a Gal-1-en keresztül akadályozza meg az új erek képződését és így gátolja a tumornövekedést.

Saját kísérleteinkben kimutattuk, hogy az anginex, feltehetően  $\beta$ -redő struktúrája miatt, oldott formában nagymértékben aggregálódik, és *in vivo* féléletideje rövid, ezért olyan anginex analógok ( $\beta$ -redőben meghatározott aminosavak  $\beta$ -amiosavakkal helyettesítve) és mimetikumok (az anginex felületi töltését mimikálja, csak  $\beta$ -aminosavakból épül fel) kifejlesztését folytatjuk, melyek megtartják az anginex funkcionális tulajdonságait, viszont a kedvezőtleneket nem. A következőkben az anginexszel, az analógokkal, valamint az anginex mimetikummal (AnxF) végzett biológiai kísérleteket mutatjuk be.

A molekulák sejtosztódásra gyakorolt hatását két egér eredetű sejtvonalon, a H5V szívkapilláris endotél és a bEnd.3 agyi endotél sejteken vizsgáltuk. A H5V sejtek osztódása nem változott sem az anginex sem a mimetikum jelenlétében. Ezzel szemben a bEnd.3 sejtek erős proliferáció gátlással válaszoltak az előbb említett molekulákra és az analógokra is.

A továbbiakban a foldamerrel végzett vizsgálatokat kiterjesztettük fiziológiás sejtekre, valamint tumor sejtvonalakra is. Eredményeink alapján az AnxF nagyon eltérő hatást fejt ki a különböző sejtvonalakra: a 4T1 emlőkarcinóma sejteket kisebb koncentrációban is erősen gátolta, míg humán melanóma sejtvonalakon nagyobb koncentrációnál mutatott hasonló hatást. A perifériás aktivált T-limfociták nem voltak érzékenyek a foldamer jelenlétére.

Eredményeink alapján az anginex analógok és a foldamer ígéretes tumor terápiás szerek lehetnek a tumor sejt növekedés és tumor vaszkularizáció gátlásban betöltött szerepük következtében.

---

## PAP RAMÓNA

Biológus

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Berki Tímea  
egyetemi tanár, PTE ÁOK*

---

### Van-e szerepe a természetes autoantitesteknek iszkémiás szívbetegségekben?

**Bevezetés:** A perikardiális folyadék (PF) a szívüregekben található 5-10 ml mennyiségű szalmasárga folyadék. A szívhez való anatómiai közelsége és a szisztémás rendszertől való elszigeteltsége révén megbízható vizsgálati anyaga a kardiovaszkuláris kutatásoknak. A természetes autoantitestek (AAT) evolúciósan konzervált saját struktúrákat ismernek fel, mint pl. a mitokondriális belső membrán enzimek (citrát szintáz – CS) vagy a hősokkfehérjék (HSP). Expressziójuk különböző fiziológiás és környezeti hatások (trauma, infekció stb.) következtében fokozódik. Az anti-hsp60 AAT-ek szérumszintje veleszületett független rizikófaktora lehet a felnőttkori ateroszklerózisnak. A CS elleni AAT-ek szerepe a vaszkuláris folyamatokban nem ismert.

**Célkitűzéseink:** 1. Anti-hsp60 és anti-CS AAT jelenlétének és koncentrációjának vizsgálata vérben és PF-ban. 2. Ezen természetes AAT-ek mennyiségének összevetése szérumban és PF-ban. 3. A hsp60 és a CS elleni AAT mérési eredmények összehasonlítása betegcsoportjainkban (aortabillentyű műtött csoport (A); szívkoszorúér áthidaló műtéten átesettek = infarktusos csoport (I) + nem infarktusos csoport (N) ).

**Betegek és módszerek:** Szívüregek megnyitásával járó szívműtétek során kizárólag szelektált esetekben párhuzamosan PF- és vérmintákat vettünk. A PF-szérum mintapárokban a hsp60 és CS elleni AAT koncentrációkat ELISA segítségével állapítottuk meg. A statisztikai analízishez SPSS programot használtuk.

**Eredmények:** Az összes betegnél az anti-hsp60 AAT-ek és a CS elleni AAT-ek egyaránt jelentősen magasabb koncentrációban vannak jelen PF-ban, mint vérszérumban – kivéve a CS elleni IgG típusú AAT-ek. Irodalmi adatoknak megfelelően az iszkémiás szívbetegségben szenvedők (I-, N-csoport) mintapárjaiban a hsp60 elleni AAT koncentrációja magasabbnak adódott, mint az A-csoportban. Előzetes eredményeink szerint az anti-CS AAT-ek koncentrációja összefüggést mutat az anti-hsp60 AAT-ek szintjével vérben és PF-ban is, továbbá szérum-PF koncentrációk mindkét faktor esetében korrelálnak.

**Következtetések:** Elmondhatjuk, hogy hsp60 illetve CS kimutatható PF-ban is, továbbá koncentrációja összefüggést mutat szívet érintő iszkémiás elváltozásokkal. Kutatásaink hozzájárulhatnak a szív patofiziológiájának és a természetes immunrendszer szerepének tisztázásához. Eredményeink a jövőben predikciós marker azonosításában segíthetnek iszkémiás szívbetegség esetében.

---

**SCHWANER ENDRE**

Biológus MSc - Molekuláris-, Immun- és Mikrobiológia

szakirány

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Cervenak László*

*tudományos főmunkatárs, SE ÁOK*

---

**Új kapcsolat a komplementrendszer és az endotélsejtek között: a MASP-1 hatása az endotélsejtekre**

A komplementrendszer a természetes immunitás fontos része. Ismert, hogy a komplement aktiválódása során lehasadó anafilatoxinok (C3a és C5a) aktiválják az endotélsejteket, amelyek pedig komplementregulátorokat fejeznek ki. A MASP-1 a komplementrendszer lektin útjának egyik proteáza, amely trombinszerű szubsztrát-specifitással rendelkezik. Ismert, hogy a trombin aktiválja az endotélsejteket, ezért kíváncsiak voltunk, hogy a MASP-1 milyen módon aktiválja az endotélsejteket.

Rekombináns és szérumból tisztított MASP-1-et használtunk a humán köldökzsínór véna eredetű endotélsejtek aktivációjához. Az intracelluláris  $\text{Ca}^{2+}$ -mobilizáció, és az adhéziós molekulák mérése fluoreszcens mikroszkóppal történt.

A tisztított, MBL-MASP-1 komplex a rekombináns MASP-1-hez hasonló módon kiváltotta a  $\text{Ca}^{2+}$ -mobilizációt endotélsejtekben, míg a zimogén MASP-1 mutáns és a proteolitikusan inaktív mutáns nem aktiválta az endotélsejtek  $\text{Ca}$ -válaszát. Bár a MASP-1 nem indukálta az ICAM-1 és VCAM-1 expresszióját, de növelte az E-szelektin kifejeződést, és átrendezte az endotél-endotél sejt kapcsolatokat, intercelluláris réseket kialakítva.

A VCAM-1 jelenléte szükséges a T sejtek és a monociták transzmigrációjához, azonban a neutrofileknek elegendő az ICAM-1/2 mellett kifejeződő E-szelektin is. A fokozott E-szelektin expresszió és az intercelluláris rések létrejötte, korábbi citokin méréseinkkel összhangban, arra utalnak, hogy a MASP-1 által stimulált endotélsejtek szelektíven a neutrofilek aktivációjának kedveznek.

---

**TEMESFŐI VIKTÓRIA**

biológus

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Buzás Krisztina*

*tudományos munkatárs, MTA SZBK*

---

### **Melanoma sejt vezérelte exoszómák immunmoduláns hatásainak vizsgálata**

Rákos betegségek lefolyásában jelentős szerepe van a tumor mikrokörnyezetének, melyet a daganat az általa termelt citokinek és egyéb faktorok révén alakít ki. Ezen faktorok hatására a környezetben akkumulálódott és aktiválódott leukociták nem képesek az effektív, daganatellenes válaszra, attól eltérő polarizációs állapotba kerülnek. A polarizáció iránya kedvez a rákos sejtek túlélésének és metasztázis képzésének. A daganatok – köztük az inváziós és metasztatikus képességeiről ismeretes malignus melanoma – számos stratégiával képesek megkerülni az immunfelügyeletet, ezek közül egyik talán a nagy mennyiségű exoszóma kibocsátás, mellyel immunmoduláns hatást fejtenek ki a tumor asszociált leukocitákra. Az exoszómák 30-100 nm-es membrán vezikulák, *in vivo* szerepük sokrétű, intenzíven kutatott. Kísérleteinkben B16F1 melanoma sejtvonalból tisztított exoszómákat vetettünk alá strukturális vizsgálatnak és követtük nyomon immunmoduláns funkcióikat *in vitro*:

I. Makrofág sejteket indukáltunk B16F1 exoszómákkal, majd vizsgáltuk NF- $\kappa$ B transzkripció faktor aktivitásukat és citokin, kemokin termelésüket.

II. Melanoma exoszómákkal előkezelt csontvelői dendritikus sejteket inkubáltunk együtt lépből tisztított T-sejtekkel, majd vizsgáltuk a T-sejtek proliferációs rátáját.

Eredményként a melanomából származó exoszómák a makrofágok NF- $\kappa$ B aktivitásának növekedését illetve tumor támogató tulajdonságú citokinek és kemokinek termelődését indukálták. Elősegítették csontvelői eredetű dendritikus sejtek aktiválódását, melyek a tisztított CD4<sup>+</sup> T-sejtek fokozott osztódását eredményezték. Mindezek alapján elmondhatjuk, hogy a tumor exoszómák interakcióba léptek a makrofágokkal és a dendritikus sejtekkel, illetve azokat a tumor fejlődését propagáló, immunszuppresszív működési irányába terelték.

---

**VESZELI NÓRA**

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Varga Lilian*

*tudományos főmunkatárs, SE ÁOK*

---

### **Komplement diszfunkciók Neuromyelitis optica-ban**

A Neuromyelitis optica (NMO) a központi idegrendszer autoimmun betegsége, amelyet a látóideg és a gerincvelő gyulladása jellemez. A betegséget a központi idegrendszer fő vízcsatornája, az aquaporin-4 ellen termelődő ellenanyagok közvetítik. Szövettani jelei a lokális IgG lerakódás és komplement aktiváció. A betegség lefolyását tekintve relapszusokban zajlik, ritkán monofázisos. Teljes mértékben hatékony kezelési módok még nem találtak, az akut kezelésben szteroidokat, a relapszusok megelőzésére pedig leggyakrabban azathioprint alkalmaznak. Az autoantitestek a keringésben is kimutathatók, azonban a komplement rendszerre vonatkozó adatok NMO-ban igen szegényesek, a komplementrendszer részletes tanulmányozására eddig még nem került sor.

Célunk volt a klasszikus, az alternatív és a lektin útvonal vizsgálata, ami magában foglalta az egyes komplement fehérjék és a komplementaktivációs termékek kimutatását és a három aktivációs út összkomplement mérését.

25 kezelt, tünetmentes állapotban lévő, aquaporin4-autoantitest szeropozitív NMO-s beteget [40 (30-69) évesek, 22 nő], és 113 egészséges egyént [35 (30-43) évesek, 64 nő] vontunk be a vizsgálatba.

A klasszikus összkomplementet hemolitikus, az alternatív és MBL-lektin útvonalakat ELISA módszerrel vizsgáltuk. A C3 szinteket turbidimetriával, míg a C4, C5, B faktor, I faktor és a C1-inhibitor koncentrációit radiális immundiffúzióval mértük. A C1rC1sC1-inh, C3bBbP és SC5b-9 komplement aktivációs termékek szintjeit ELISA módszerrel határoztuk meg.

A klasszikus, és az MBL-lektin út aktivitása szignifikánsan magasabb volt a betegekben, mint a kontrollokban ( $p=0,0122$  és  $p=0,0078$ ), míg az alternatív összkomplement aktivitás nem különbözött a kontrolloktól. A C3, I faktor és B faktor szintek szignifikánsan alacsonyabbak a betegekben, mint a kontrollokban ( $p<0,0001$ ,  $p=0,0007$  és  $p=0,0397$ ). A C4, C5 és a C1-inhibitor szintekben nem volt különbség a két csoport között. A C1rC1sC1-inh szintjében nem kaptunk eltérést a kontrollokhhoz képest, míg a C3bBbP és SC5b-9 szintek szignifikánsan alacsonyabbnak adódtak ( $p<0,0001$  és  $p=0,0128$ ).

Bár az általunk vizsgált betegek vérében az AQP4-autoantitestek kimutathatóak voltak, eredményeink szerint remisszióban levő, kezelt NMO-s betegekben szisztémásan komplementaktiváció nem zajlik.

---

## MIKROBIOLÓGIA I.

2013. április 3., ETSZK „B” épület (Bal fasor), EB-207-8 terem, 8:00-10:30

Zsúri: Prof. Dr. Minárovits János, Dr. Fekete Csaba, Dr. Fekete Erzsébet

|             |   |
|-------------|---|
| 8:00-8:15   | <b>Brankovics Balázs</b> (SZTE TTIK): <i>Tolypocladium</i> fajok fumonizin termelő képességének és rokonsági viszonyainak vizsgálata                  |
| 8:15-8:30   | <b>Fenyvesi Viktor Sándor</b> (SZTE TTIK): Nagy méretű plazmidok izolálása és analízise <i>Bacteroides</i> fajok esetén                               |
| 8:30-8:45   | <b>Kerekes Erika-Beáta</b> (BBTE BGK): Illóolajok hatása bakteriális és élesztő biofilmképzésre és kapcsolat a quorum sensing (QS) mechanizmussal     |
| 8:45-9:00   | <b>Kovács Aranka Stella</b> (SZTE TTIK): Többszörösen telítetlen zsírsavakat termelő <i>Mortierella</i> fajok filogenetikai és fiziológiai jellemzése |
| 9:00-9:30   | szünet  |
| 9:30-9:45   | <b>Lakatos János</b> (DF): Dunaújváros levegőminőségének értékelése monitoring adatok és mikrobiológiai vizsgálatok alapján. Adatbank fejlesztése.    |
| 9:45-10:00  | <b>Mentes Anikó</b> (ELTE TTK): Szikes vízből származó téli piko-plankton tömegprodukció taxonómiai elemzése 18S rRNS gén alapján                     |
| 10:00-10:15 | <b>Papp Csaba Gergő</b> (SZTE TTIK): <i>Candida parapsilosis</i> CDR1-2 drog efflux pumpa duplamutánsának fiziológiai jellemzése                      |
| 10:15-10:30 | <b>Szentkirályi Éva</b> (PTE TTK): Intenzív osztályokon fertőzést okozó <i>Acinetobacter baumannii</i> törzsek vizsgálata                             |

---



---

**BRANKOVICS BALÁZS**

Biológus

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Varga János**egyetemi docens, SZTE TTIK**Kocsubé Sándor**tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK*

---

***Tolypocladium* fajok fumonizin termelő képességének és rokonsági viszonyainak vizsgálata**

A *Tolypocladium* nemzetségbe tartozó fajok világszerte előforduló talajlakó szaprofita illetve rovarpatogén gombák. A nemzetség fajai közül kiemelt jelentőségű a *T. inflatum*, mely a legelterjedtebben alkalmazott ciklosporin-termelő faj. A ciklosporint elterjedten használják immunsuppresszív hatása miatt, szervátültetéseket követően illetve autoimmun-betegségek kezelésénél. 2011-ben ciklosporintermelő gombák rutin szűrésénél fedezték fel, hogy *Tolypocladium* törzsek képesek fumonizineket termelni.

A fumonizinek a *Fusarium verticillioides* törzsekből izolált hepatotoxikus mikotoxinok, melyek több állati megbetegedést képesek kiváltani, valamint epidemiológiai vizsgálatok alapján feltételezhető, hogy emberben nyelőcsőrák illetve velőcsőzáródási rendellenességek kiváltásában is szerepet játszanak.

Munkánk során *Tolypocladium* fajok fumonizintermelő-képességét vizsgáltuk HPLC-MS technikával. Az idáig vizsgált öt faj közül három bizonyult termelőnek: a *T. inflatum*, a *T. geodes* és a *T. cylindrosporum*. PCR segítségével vizsgáltuk a fumonizin bioszintézisben szerepet játszó FUM1 gén meglétét is, amely egy poliketid szintázt kódol. Ezt a gént mind a három termelőfaj esetében sikerült kimutatni, valamint egy nem termelő faj, a *T. tundrense* egy izolátuma is pozitív eredményt adott. A kapott szekvenciákat összevetettük a korábban vizsgált *Aspergillus* és *Fusarium* fajokban azonosított FUM1-szekvenciákkal. A FUM1 gén mellett az ITS-régióra (a rRNS génklaszter ITS1-5.8S rDNS-ITS2 szakasza) tervezett PCR segítségével a cél génszakaszokat felszakszoroztuk, majd meghatároztuk a szekvenciákat. A szekvenciaadatok alapján felállított törzsfákat összevetettük egymással illetve a jelenlegi rendszertani felosztással.

---

**FENYVESI VIKTOR SÁNDOR**

Biológus

MSc, 12. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Sóki József*

*tudományos munkatárs, SZTE ÁOK*

---

### **Nagy méretű plazmidok izolálása és analízise *Bacteroides* fajok esetén**

A *Bacteroides* nemzetség fajai fontos szimbionták és kommenzalisták a bélcsatornában, de megfelelő körülmények esetén fajai opportunistákként is viselkedhetnek. Ebben a nemzetségben és rokonságában igen elterjedtek és változatosak a különböző mobilis genetikai elemek. Ilyenek az inszerciós szekvencia elemek, mobilizálható és konjugatív plazmidok, transzpozonok, mobilizálható és konjugatív transzpozonok, melyek hozzájárulhatnak az antibiotikum rezisztencia gének terjedéséhez, vagy a genomba beékelődve fokozhatják bizonyos gének működését. A plazmidok két méretbeli osztályra oszthatók, kis (2,7 kb-11 kb) és nagy méretűekre (>11 kb). A kisméretű plazmidok a leggyakoribbak, nagyrésztük 3 homológia csoportba sorolható (Class I-III; 2,7; 4,2; 5,6 kb), ezek nagyrészt kriptikusnak tekinthetők. A dolgozatban kifejezetten a nagyméretű plazmidokra koncentráltunk. Célunk a már ismert szekvenciájú plazmidok rokonsági fokának megállapítása és evolúciójuk feltárása, nagyméretű plazmidok izolálásához megfelelő módszer keresése, a laboratóriumunk törzsgyűjteményének átvizsgálása nagy méretű plazmid tartalom szempontjából volt. Ezen felül, következtetni kívántunk izolált plazmidok szerepére eredetük és szekvenciájuk alapján. Vizsgálataink során 11 nagy méretű plazmidot sikerült kimutatni 34 a laborunkban izolált törzsből, változatos mérettartományban (18-178 kb). Restriktions emésztés (BglII és HindIII) és Southern blot segítségével kimutattunk a *B. fragilis* NCTC 9343 plazmidjával (pBF9343, amelyet genomális szekvenálás projektekben ismertek fel) 2 erős (39 és 46 kb), és 3 gyenge homológ plazmidot. Előbbiek közül kettőt kiválasztottunk szekvenálásra ezek a *B. fragilis* 76240 és 13422-ben találhatók. Az ezeket tartalmazó törzsekben számos kisebb plazmid is megtalálható volt. A szekvenálás eredménye megerősítette a Southern blotok eredményét. Ezen kívül sikerült azonosítanunk az MTn4555 mobilizálható transzpozon állandósult cirkuláris formáját a *B. fragilis* 76240-es törzsből, amely egy cefoxitináz (cfxA) rezisztencia gént tartalmaz. A szekvenált 1-1 Class I, Class II és Class III csoportba tartozó egyéb plazmid ca. 1 % szekvencia polimorfiát mutatott a referencia plazmidokhoz képest, valamint az egyik plazmid replikációért felelős génje is mutált. További feladatunk a plazmidok közötti viszonyok feltérképezése (pl.: működési funkciók komplementálása), valamint a szekvenálás befejeztével a *B. fragilis* 13422 plazmidjainak vizsgálata.

---

**KEREKES ERIKA-BEÁTA**

Biológiai erőforrások kezelése és védelme  
MSc, 4. félév

Babes-Bolyai Tudományegyetem  
Biológia és Geológia Kar

*Témavezetők:*

*dr. Papp Judit*

*adjunktus, BBTE*

*Dr. Krisch Judit*

*egyetemi docens, SZTE MK*

*Dr. Vágvölgyi Csaba*

*tanszékvezető egyetemi tanár, SZTE TTIK*

---

### **Illóolajok hatása bakteriális és élesztő biofilmképzésre és kapcsolat a quorum sensing (QS) mechanizmussal**

A biofilmek komoly problémát jelentenek az élelmiszeriparban, mivel ezek nagyon jól ellenállnak a mikrobaellenes szereknek. Az illóolajok antiszeptikus hatása feltételezi, hogy gátolhatják a biofilmképzést is. A biofilmet alkotó baktériumok közötti kommunikáció (quorum sensing, QS) szabályozza a biofilm képzés mellett, a patogenitást is így ennek gátlása kulcsfontosságú. Jelen munka célja az volt, hogy megvizsgáljuk négy illóolaj (citrom, boróka, majoránna, muskotályzsálya) és azok fő komponenseinek (limonén,  $\alpha$ -pinén, terpinén-4-ol, linalool) biofilm képzést gátló hatását a *Pichia anomala* élesztőgomba és a *Bacillus cereus* esetében illetve ezek antiQS hatását is. A biofilm képzés gátlás mértékét kristályibolyás festéssel vizsgáltuk. Az anti-QS hatást papírkorong diffúziós módszerrel mutattuk ki *Chromobacterium violaceum* segítségével. A depigmentáltság okozta színtelen zónákat mértük (mm), ugyanis a baktérium színanyag termelése QS szabályozás alatt áll. A *P. anomala*-nál a majoránna esetében mutattunk ki gátlást. A *B. cereus*-nál a komponensek jobban csökkentették a biofilm képzést, mint az olajok. Az olajok jobb QS gátlóknak bizonyultak, mint komponenseik, legjobb a majoránna volt. A limonén nem okozott QS gátlást. Eredményeink alapján a felhasznált illóolajok, mint természetes eredetű szerek, alkalmasak lehetnek élelmiszerek tartósítására, illetve az élelmiszeriparban használt eszközök felületének biofilm mentesítésére.

---

**KOVÁCS ARANKA STELLA**

Biológus

MSc, 8. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Nyilasi Ildikó*

*tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

*Dr. Papp Tamás*

*egyetemi docens, SZTE TTIK*

---

**Többszörösen telítetlen zsírsavakat termelő *Mortierella* fajok filogenetikai és  
fiziológiai jellemzése**

A *Mortierella* fajok a járomspórás gombák közé tartozó, főként talajból izolálható olajtermelő mikroorganizmusok. Egyes *Mortierella alpina* izolátumokat többszörösen telítetlen zsírsavak termeltetésére alkalmaznak. Gyakorlati és ökológiai jelentőségük ellenére rendszertanuk elavult, szinte kizárólag morfológiai bélyegeken alapul. Számos tanulmányban vizsgálták a *M. alpina* törzsek zsírsavtermelését, a zsírsavbioszintézis egyes lépéseit, illetve azonosították az enzimeket kódoló géneket, ugyanakkor kevés információval rendelkezünk a *Mortierellales* rend többi tagjának zsírsavtermeléséről.

Munkánk során célul tűztük ki a *Mortierellales* renden belüli filogenetikai viszonyok tisztázását. Célunk volt a *Mortierella* és rokon izolátumok zsírsavtermelésének vizsgálata, telítetlen zsírsavtermelő törzsek azonosítása, illetve a zsírsavtermelés diverzitásának tanulmányozása. Terveink közt szerepelt a zsírsavbioszintézisben résztvevő enzimeket kódoló gének vizsgálata is.

Munkánk során felszaporítottuk a 18S riboszómális kis alegységet (SSU) kódoló génszakaszt 107 *Mortierella* és rokon nemzetség izolátumaiból, majd a szekvenciákat bevontuk egy kombinált – ITS, LSU, tef és rpb1 szekvenciákat is tartalmazó – filogenetikai törzsfá létrehozásába. Ennek eredményeképp elkülönítettük az *Umbelopsis* és *Mortierella* kládokat, az utóbbit további 12 alkládra osztottuk fel. Megállapítottuk, hogy a *Mortierella* nemzetség parafiletikus és magába foglalja a *Dissophora*, *Gamsiella* és *Lobosporangium* génuszokat, míg az *Umbelopsis* klád magába foglalja a *Micromucor* izolátumokat. Meghatároztuk a törzsek szénasszimilációs spektrumát is, amely megerősítette az *Umbelopsis/Micromucor* és *Mortierella* fajok elkülönülését. Egyes nemzetségek (pl. *Dissophora*) ugyan elkülöníthetőek voltak a szénasszimilációs profil alapján, a *Mortierella* nemzetségen belül azonban nagyfokú variabilitást tapasztaltunk. Megvizsgáltuk 67 *Mortierella* és rokon izolátum lipidtermelését és lipidösszetételét és megállapítottuk, hogy a *Mortierella* fajok főleg arachidonsavat termelnek, míg az *Umbelopsis/Micromucor* fajok fő terméke a  $\gamma$ -linolénsav, a linolsav, az olajsav és a palmitinsav. Számos telítetlen zsírsavtermelő törzset azonosítottunk, és megállapítottuk, hogy a legnagyobb hozammal rendelkező törzsek az *Umbelopsis/Micromucor* fajok között találhatók. Ezzel párhuzamosan megkezdtük a zsírsavtermelésben szerepet játszó  $\Delta 9$  deszturált kódoló gén azonosítását a zsírsavtermelő izolátumokban.

---

**LAKATOS JÁNOS**  
Gépészmérnök  
BSc, 5. félév  
Dunaújvárosi Főiskola

*Témavezető:  
Dr. Bíró Borbála  
egyetemi tanár, DF*

---

**Dunaújváros levegőminőségének értékelése monitoring adatok és mikrobiológiai vizsgálatok alapján. Adatbank fejlesztése.**

Internetes adatbázisból több évre visszamenőleg feldolgozásra kerültek a dunaújvárosi, egy mérőpontra vonatkozó levegőszennyezettségi adatok. A legfontosabb légszennyező anyagok (SO<sub>x</sub>, NO<sub>x</sub>, ózon, PM<sub>10</sub>, stb.) napi, heti, havi és szezonális, vagy évjáráti dinamikájának az elemzésével azok tulajdonságaira és a környezeti elemekkel való összefüggésekre lehetett következtetni. A városban a legkritikusabb és leginkább változó porterheltséggel kapcsolatosan a minták toxikus elemtartalmának és a porok mikrobás szennyezettségének a vizsgálatát kibővítettük 10 helyszínre. A Főiskola így kialakult levegő-monitoring adatbankja az értékelésekkel együtt hasznosnak ígérkezik a szennyezettség városi helyszínektől (is) függő kockázatának a megítéléséhez.

---

**MENTES ANIKÓ**

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Felföldi Tamás*

*egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

---

**Szikes vízből származó téli pikoplankton tömegprodukció taxonómiai elemzése 18S rRNS gén alapján**

A Duna-Tisza közí sekély, turbid szikes vízterek Európában egyedülállóak, kiemelkedő jelentőségű természeti értékeket képviselnek, geológiai és ökológiai szempontból egyaránt fontosak. A mérsékelt övi szikes tavak képesek teljesen kiszáradni, mégis extrém fotoautotróf pikoplankton ( $<2\mu\text{m}$ ) gazdagság jellemző rájuk. Összetételük szezonális dinamikát mutat: a cianobaktériumok a melegebb, a pikoeukarióta algák a hidegebb időszak kedvelői. A pikoalgák fenotípusán alapuló faji vagy nemzetségi szintű azonosítása korlátozott a morfológiai tulajdonságaik szegénysége és egyszerűsége miatt, ezért ma már inkább a DNS-alapú módszerek elterjedtebbek.

A dolgozatomban célja egy Zab-székből származó 2012. februári szikes vízminta faji összetételének részletesebb megismerése volt a pikoeukarióta algaközösségre nézve. A helyszínen az irodalomban közölt egyik legmagasabb értékű zöldalga tömegprodukció volt megfigyelhető. A mintából a pikoeukarióta algákat molekuláris biológiai PCR alapú módszerek alkalmazásával vizsgáltam, a zöldalga fajokat 18S rRNS gén összehasonlító bázissorrend elemzésével azonosítottam.

A közösségi DNS-ből klónozás útján kapott 90 klónt restrikciós emésztéssel csoportosítottam.

A szekvenálási eredményeket a GenBank adatbázissal összehasonlítva, a klónok az eddig leírt *Trebouxiophyceae* osztály (*Chlorophyta*) fajaival alacsonyabb hasonlóságot mutattak. Így valószínűsíthető, hogy új nemzetségek ill. fajok okozták ezt a rendkívüli vízvirágzást.

---

**PAPP CSABA GERGŐ**

Biológia MSc

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Gácsér Attila*

*tudományos főmunkatárs, SZTE TTIK*

---

***Candida parapsilosis* CDR1-2 drog efflux pumpa duplamutánsának fiziológiai jellemzése**

Az elmúlt három évtizedben a *Candida parapsilosis* által okozott fertőzések száma jelentős növekedést mutat, különösen igaz ez kórházban ápolt, immunológiailag legyengült személyekre. A *C. parapsilosis* okozta megbetegedések ellen legáltalánosabban alkalmazott módszer azol jellegű antimikotikumok adagolása. A hosszú múltú és a gyakori azolkezelésre vezethető vissza, hogy az utóbbi időben egyre gyakrabban jelentek meg azol drogokra kevésbé érzékeny vagy bizonyos esetekben multidrog rezisztens *Candida* fajok.

A multidrog rezisztencia kialakulásának egyik módja drog effluxért felelős pumpafehérték expressziójának növekedése, ezek közé tartoznak az ATP-kötő kazetta (ATP-binding cassette, ABC) transzporterek és a fő facilitátor szupercsalád (*major facilitator superfamily*, MFS) tagjai. *C. albicans*ban a legfontosabb ABC transzporterek a *candida drug resistance* fehérje 1 és 2 (*candida drug resistance protein*, Cdr1p, Cdr2p).

Munkánk során egy másik *Candida* faj, a *C. parapsilosis* CDR1 és CDR2 gének kiütésének segítségével vizsgáltuk e két efflux pumpa szerepét. A CDR1-2 duplamutáns létrehozása után meghatároztuk törzseink MIC értékeit amphotericin B-re, flukonazolra és kaszopofunginra, eredményeink a mutáns törzsnél csökkent MIC értéket mutattak a flukonazol és a kaszopofungin esetében. J774 monocita sejtvonallal végzett *in vitro* gombaölési kísérleteink érdekes módon azt jelezték, hogy a duplamutáns jobban képes túlélni a monocitákkal történő inkubációt, mint a vad típus. A/J egerek használatával *in vivo* vizsgálatok hasonló eredményt, mutattak: a mutáns törzs jelentősen jobban túl tudtak élni az állatok szervezetében farok vénán keresztül történő fertőzést követően. Különböző oxidatív- ( $H_2O_2$ ) és ozmotikus (NaCl, KCl) stresszorokkal való kezelés nem mutatott különbségeket a vad típusú és a mutáns törzs között, valamint az összes törzs egyaránt képes volt növekedni különböző pH-értékű (pH4, 5, 6, 7, 8) táptalajokon. Vizsgálatainkat a továbbiakban a membránszerkezet esetleges megváltozásának irányában folytatjuk, amely magyarázatot adhat a mutáns törzsek megnövekedett túlélési kapacitására.

---

**SZENTKIRÁLYI ÉVA**

Biológus

MSc, 4. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Kerényi Mónika*

*egyetemi docens, PTE ÁOK*

*Dr. Jakab Ferenc*

*egyetemi docens, PTE TTK*

---

### **Intenzív osztályokon fertőzést okozó *Acinetobacter baumannii* törzsek vizsgálata**

**Bevezetés:** A kórházi (*nosocomialis*) fertőzések és járványok egyre nagyobb arányban fordulnak elő világszerte. Ezen fertőzések halálozási aránya meglehetősen magas, általában 30% körüli, de elérheti az 54%-ot is! Az általunk vizsgált *Acinetobacter baumannii* kórházi osztályokon (főként intenzív osztályon) az egyik leggyakoribb fertőzést okozó baktérium. Patogenezisééről még kevés ismerettel rendelkezünk. A kórokozó virulencia faktorainak (biofilm, tok poliszacharid, fimbriális adhezinek, szérumrezisztencia, sziderofór) és antibiotikum rezisztenciájának mértéke a környezeti körülményektől nagymértékben függ.

**Célkitűzés:** A Pécsi Tudományegyetem, Általános Orvostudományi Kar, Orvosi Mikrobiológiai és Immunitástani Intézetébe 2007-2011 között, intenzív osztályokról érkezett mintákból izolált multirezisztens *Acinetobacter baumannii* törzsek virulencia faktorainak vizsgálata, antibiotikum rezisztenciájának felmérése és a törzsek azonos eredetének vizsgálata volt a célunk.

**Anyag és módszer:** Vizsgáltuk a biofilmképzést, antibiotikum rezisztenciát, agglutinációval igyekeztünk kimutatni a tok poliszacharidot és hemagglutinációval a fimbriális adhezinek, néztük a szérumrezisztenciát, sziderofór termelést, vizsgáltuk a törzsek eredetét RAPD-PCR-al.

**Eredmények:** A törzsek többsége képzett biofilmet, egy kivételével mind képes volt sziderofórt kibocsátani környezetébe s mindezen kívül a többség szérumrezisztensnek mutatkozott. A törzsek többsége multirezisztens (vagy extrarezisztens) az antibiotikumokra. Antibiotikum mintázatuk szerint 3 csoportba tartoznak.

**Következtetések:** Eredményeink azt mutatják, hogy a sziderofór termelésnek és a biofilm képzésnek és szérumrezisztenciának lehet nagy jelentősége a baktérium megtelepedésében és szisztémás fertőzés kialakulásában. Valószínű multirezisztens törzsek a széles spektrumú antibiotikum kezelések hatására kisselektálódtak és fennmaradtak. Félő, hogy újabb rezisztenciagén felvételével illetve az újabb antibiotikum terápia további szelekciós hatására ezek a klónok teljesen rezisztenssé válnak.



---

## MIKROBIOLÓGIA II.

**2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-167 terem, 14:00-16:30**

**Zsűri: Prof. Dr. Maráz Anna, Dr. Papp Judit, Dr. Karaffa Levente**

|             |  |
|-------------|--|
| 14:00-14:15 | <b>Ámon Judit (SZTE TTIK):</b> RNS interferencia vizsgálata az oportunistá patogén <i>Candida parapsilosis</i> -ban  |
| 14:15-14:30 | <b>Barnás Katalin (ELTE TTK):</b> Ivóvízhálózatból izolált, a tudomány számára új baktérium taxonok polifázikus leírása  |
| 14:30-14:45 | <b>Farkas Anita (SZTE TTIK):</b> HMG-KoA reduktáz gének kifejeződésének és funkciójának vizsgálata <i>Mucor circinelloides</i> -ben  |
| 14:45-15:00 | <b>Kemenesi Gábor (PTE TTK):</b> Szúnyogok által terjesztett virális zoonózisok kimutatása Baranya megyében  |
| 15:00-15:30 | szünet   |
| 15:30-15:45 | <b>Magyari Márta (SZTE TTIK):</b> A <i>Propionibacterium acnes</i> filogenetikai jellemzése  |
| 15:45-16:00 | <b>Sinkler Réka, Koncz Mihály, Kónya István Attila (EMTE MTK):</b> Fertőtlenítőszeres hatékonyságának vizsgálata ivóvízben előforduló különböző allochton mikroorganizmusok esetén |
| 16:00-16:15 | <b>Tóth Eszter Judit (SZTE TTIK):</b> Bakteriális és gomba eredetű xantofill bioszintézis gének kifejeztetése <i>Mucor circinelloides</i> -ben                                     |
| 16:15-16:30 | <b>Tuza Szabina (EKF TTK):</b> A húgyúti infekciók leggyakoribb kórokozóinak a kimutatása, identifikálása és antibiotikum rezisztencia vizsgálata                                  |

---

---

ÁMON JUDIT

Biológus

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Kozma-Bognárné Dr. Hamari Zsuzsanna

egyetemi docens, SZTE TTIK

---

### RNS interferencia vizsgálata az opportunistá patogén *Candida parapsilosis*-ban

2009-ben a Science-ben jelent meg az első bizonyító erejű kísérlet, amely igazolta, hogy a sarjadzó élesztőkben is (a *Saccharomyces cerevisiae* kivételével) megtalálhatóak az RNS interferencia mechanizmus elemeinek működő formái (RNS dependens RNS polimeráz; egy újonnan leírt, nem-kanonikus Dicer; Argonauta). A *Saccharomyces castellii*-ben található két kulcsfehérje (nem kanonikus Dicer, Argonauta) *S. cerevisiae*-ben való kifejeztetésével sikeresen hajtottak végre csendesítést az amúgy csendesítést nem végző *S. cerevisiae*-ben. Összehasonlító *in silico* genom vizsgálattal kimutatták, hogy például a *Candida* fajokban a *S. castellii*-hez hasonlóan minden fehérje megtalálható a genom-ban kódolva, amely az RNS interferencia működéséhez szükséges.

A *C. albicans* szekretált lipázai virulencia faktorok, amelyeket 10 gén kódol a genom-ban. Az organizmus diploid természete miatt egy lipázt nem termelő nullmutáns létrehozása 20 gén kiütését jelentené. A jelenleg használatban lévő deléciós eljárásokkal egy ilyen törzs létrehozása időigényes, és limitált lehetőséget nyújtana, ugyanis a rekombinációs rendszer működését biztosító, genomba ékelődő elemek keresztreakciói nagyfokú genomátrendeződést eredményezhetnek, aminek pedig fenotipikus változás lehet a következménye. Ennek a kiküszöbölésére jelenthet megoldást az RNS interferencia alkalmazása.

Annak tesztelésére és bizonyítására, hogy RNS interferenciával el lehet hallgattatni a lipáz virulencia faktort *Candida* fajokban, a *C. parapsilosis* modelszervezetet választottuk. A *C. parapsilosis* esetében csak egy funkcionális szekretált lipázt kódoló gént azonosítottak (CpLIP2), amely gént deléciós mutánsok csökkent virulenciáját egér és humán makrofág *killing assay*-ekben és *in vitro* szöveti fertőzés kísérletekben bizonyították.

Jelen munkánk során három, a CpLIP2 gént három különböző helyen targetáló siRNA konstrukciót hoztunk létre pGiZi vektorban, amelyet vad típusú típus törzsbe, a GA1-be transzformáltunk, majd Real-Time kísérletekben és kvantitatív lipáz *assay*-el megvizsgáltuk és összehasonlítottuk a konstrukciók csendesítő hatását.

---

**BARNÁS KATALIN**

Biológia

BSc, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Tóth Erika**egyetemi adjunktus, ELTE TTK**Homonnay Zsolt Gábor**doktorandusz, ELTE TTK*

---

**Ivóvízhálózathól izolált, a tudomány számára új baktérium taxonok polifázikus leírása**

Az ivóvíz egy oligotróf közeg, mégis sok mikroorganizmus adaptálódott ehhez az alacsony szervesanyag tartalommal jellemezhető környezethez. Ezen mikrobák szabványos módszerekkel kevésbé tenyésztethetők, de oligotróf táptalajok és molekuláris vizsgálatok alkalmazásával rejtett diverzitásuk feltárható, így sok, korábban még tenyésztésbe nem vont szervezet kimutatható. Amennyiben e baktériumokat sikerül tenyésztésbe vonni, új taxonok leírása válik lehetővé. Dolgozatomban hat, a budapesti ivóvíz hálózathálózathól korábban izolált baktériumtörzs taxonómiai vizsgálatát mutatom be.

Munkánk során elvégeztük a baktériumtörzsek teljes 16S rRNS génjének szekvencia analízisét, amelyek segítségével különböző algoritmusokat felhasználva filogenetikai fák készítettünk. Emellett elvégeztük a baktériumtörzsek valamint legközelebbi tenyésztendő rokonaik klasszikus fenotípusos bélyegeinek vizsgálatát is: Gram festést, (megállapítottuk a baktériumok alakját, méreteit ( $\mu\text{m}$ ), csoportosulását is), teszteltük a Tween 80 bontását, keményítőhidrolízist és foszfatáz aktivitást, a D-glükóz oxidatív és fermentatív értékesítését, ureáz aktivitást, metilvörös és Voges-Proskauer reakciókat, indolképzést és nitrátredukciót. Törzseink ökológiai tűrőképességét az alábbi körülmények között teszteltük: növekedésüket  $4^{\circ}\text{C}$ ,  $28^{\circ}\text{C}$ ,  $37^{\circ}\text{C}$ ,  $45^{\circ}\text{C}$ -on, 0%, 1,5%, 2,5%, 5%-os NaCl koncentráció mellett és növekedésüket pH3 és pH11 között. Munkánk során az Api® ZYM (bioMérieux SA) tesztet enzimaktivitási vizsgálatokra az Api® 50CH (bioMérieux SA) pedig szénhidrát értékesítési spektrum vizsgálatára használtuk.

Az új baktériumtörzsek teljes 16S rRNS gén szekvenciájuk alapján az alábbi taxonómiai csoportokkal mutatnak közeli rokonságot: PYM3-14 törzs az *Arenimonas oryziaterrae*-vel 95,238% és a *Lysobacter brunescens*-szel 94,471%, az M4-14 törzs az *Undibacterium pigrum*-mal 96,05% és *Herminiimonas saxobidens*-szel 96,149%, az M4-9 illetve M4-10 törzsek a *Rhizobacter dauci*-val 98,551% ,a PYM7-15 és PYM7-16 nevű törzsek a *Mycobacterium hoderi*-vel 98,615%.

A 16S rDNS szekvenciáik alapján készült filogenetikai dendrogramok az általunk izolált baktériumok különböző szintű elkülönülését mutatják legközelebbi rokonaiktól. Fenotípusos vizsgálataink megerősítették, hogy az általunk izolált baktériumok többsége a tudomány számára új taxonhoz tartozik. Az új fajok precíz leírásához még további, kemotaxonómiai vizsgálatok szükségesek.

---

**FARKAS ANITA**

Biológus

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Papp Tamás*

*egyetemi docens, SZTE TTIK*

---

**HMG-KoA reduktáz gének kifejeződésének és funkciójának vizsgálata *Mucor circinelloides*ben**

A *Mucor circinelloides* egy, a járomspórás gombák (*Mucoromycotina*) közé tartozó, karotintermelő gomba, melyet régóta használnak modellorganizmusként különböző biokémiai, molekuláris biológiai és genetikai folyamatok tanulmányozására. Az egyes terpén-származékok képződésének közös útvonala az ún. acetát-mevalonát út, melynek központi, sebesség meghatározó lépése a 3-hidroxi-3-metilglutaril koenzim A (HMG-KoA) mevalonsavvá alakulása. Ezt a reakciót a HMG-KoA reduktáz (HMGR) katalizálja. A terpenoidok számos fontos funkciót betöltenek az élőlényekben, lehetnek szabályozó és szignál folyamatokban szerepet játszó fehérjék prenil csoportjai, membránalkotók, színanyagok, vagy hormonok. A HMG-KoA reduktáz fontos szerepet tölt be az egyes élőlényekben a környezeti változásokhoz (pl. ozmotikus viszonyok, oxigénszint megváltozása) való alkalmazkodás, vagy a morfogenezis során, de hatással van pl. az apoptotikus folyamatokra is. Karotintermelő szervezetekben befolyásolja a pigment képződését. A *M. circinelloides* genomjában 3 HMGR gén (*hmgR1*, *hmgR2*, illetve *hmgR3*) található, melyek túlműködése megemelkedett karotintermeléshez, valamint a sztatinnal (a HMGR szelektív gátlószerei) szembeni érzékenység csökkenéséhez vezet.

Vizsgálatunk célja volt, hogy tanulmányozzuk a három gén kifejeződését különböző tenyésztési körülmények mellett. A vizsgálatokat valószerű kvantitatív PCR segítségével hajtottuk végre. Megvizsgáltuk a gének kifejeződését a tenyésztési idő alatt, a spórák csírázásától kezdődően, különböző hőmérsékleten és különböző szénforrásokon. Vizsgáltuk a NaCl hatását is a gének kifejeződésére. A *M. circinelloides*re jellemző a morfológiai dimorfizmus jelensége, azaz, hogy az egyébként fonalas gomba, magas glükóz koncentráció jelenlétében vagy anaerob körülmények között élesztőszerű növekedést mutat. Ezért megvizsgáltuk a gének relatív transzkripció szintjének változását aerob és anaerob tenyésztési körülmények esetén is. Ezzel párhuzamosan, elkezdjük, olyan vektorkonstrukciók építését is, melyekkel lehetővé válik a gének poszttranszkripcionális csendesítése.

Eredményeink azt mutatják, hogy mindhárom gén kifejeződik, de különböző mértékben. A *hmgR2* erősebb kifejeződést mutat, mint a másik két gén. Az általunk vizsgált körülményeket tekintve minden esetben ezt tapasztaltuk, kivéve anaerob környezetben, ahol a *hmgR3* transzkripció szintje magasabb volt, mint a *hmgR1* és *hmgR2* gén transzkripciója. A *hmgR1* gén minden kísérletben gyenge kifejeződést mutatott.

---

**KEMENESI GÁBOR**

Biológus

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Jakab Ferenc  
egyetemi docens, PTE TTK*

---

### **Szúnyogok által terjesztett virális zoonózisok kimutatása Baranya megyében**

A növekvő mértékű globális kereskedelem és turizmus, a felmelegedés hatásaival együtt a különféle vektorok által terjesztett vírusos megbetegedések, és az azokat hordozó vektorszervezetek eddig nem tapasztalt térnyerését okozza. Egyre több olyan betegség jelenik meg Európában, melyek jelenlétét eddig csupán trópusi országokban igazolták. A vírusok terjedésében számos faktornak van szerepe, melyek közül az egyik legfontosabb a kompetens vektorszervezet jelenléte. Az elmúlt évtizedekben, Európában két invazív szúnyogfaj, az *Aedes albopictus* és az *Aedes japonicus*, valamint a hozzájuk köthető vírushos megbetegedések is megjelentek. Kiemelten fontos feladat tehát a vektorszervezetek terjedésének nyomon követése és ezzel egyidejűleg a lokális szúnyogfauna virológiai monitorozása. Az így nyert jelenlét/hiány adatok fontos információt nyújtanak a vírusok terjedési dinamikájáról, valamint hozzájárulnak a járványok prevenciójához. Hazai viszonylatban három jelentős, szúnyogok által terjesztett virális zoonózissról beszélhetünk. A Nyugat Nílusi láz vírusa, mely évről évre okoz megbetegedéseket Magyarországon, az Usutu vírus, amely agresszív térségbeli terjedési dinamikájának köszönhetően komoly fenyegetést rejt magában, illetve a Tahyna vírus, melynek kutatása hazánkban eddig kevés figyelmet kapott. Kutatásunk során létrehoztunk egy aktív monitorozási programot Baranya megyében, a közép-európai térség ismert mobovírusaira és invazív szúnyogfajaira. Terepi munkánk során olyan invazív fajok jelenlétét kutattuk, melyek a környező országokban már megjelentek és a dél-dunántúli éghajlati adottságoknak köszönhetően, ezen a területen is képesek lennének stabil populációkban fennmaradni. Invazív fajok jelenlétét nem sikerült igazolnunk, ez azonban nem bizonyítja hiányukat. A laboratóriumi munka során 19 733 nőstény szúnyog virológiai vizsgálatát végeztük el Usutu és Tahyna vírusokra, melynek eredményeként egyik vírus jelenlétét sem sikerült igazolnunk. Mintáink vizsgálatát Nyugat Nílusi láz vírusára Dr. Bakonyi Tamás kutatócsoportja végzi, az EDENext pályázat keretében, Budapesten. Vizsgálataink a pozitív eredmények hiányában is hozzájárulnak a két vírus földrajzi elterjedésének megismeréséhez, hiszen a negatív eredmény a vírusok ritkább elterjedését vagy a vizsgált időszakra vonatkozóan alacsony aktivitását sugallja a vizsgálati területen.

---

**MAGYARI MÁRTA**

Biológia

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Nagy István*

*tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

---

### **A *Propionibacterium acnes* filogenetikai jellemzése**

Bőrünkön, szervezetünk első védelmi vonalán kommenzalista (pl. *Propionibacterium acnes* (*P. acnes*), *Staphylococcus epidermidis*) és patogén (pl. *Staphylococcus aureus*) mikroorganizmusok együttesen alakítanak ki dinamikus mikroflórát. A kolonizáló fajok közül a *P. acnes*, amely egy Gram pozitív, nem spórázó, anaerob, oportunista baktérium nemcsak kommenzalista hanem patogén formában is jelen lehet. A baktériumot az utóbbi években számos betegséggel hozták összefüggésbe, mint például a populáció 80%-át érintő *acne vulgaris* (akne), amely jellegzetesen az arcon, a nyakon, a mellkason, a háton és a vállakon alakul ki, mivel ezeken a területeken van a legtöbb faggyútermelő mirigy. A kommenzalista valamint patogén izolátumok elkülönítésére azonban jelenleg nem áll rendelkezésre megfelelő módszer.

Az akne kezelése az elmúlt évtizedekben elsősorban a gyógyászatban széleskörűen alkalmazott különféle antibiotikumokkal történt. Amellett azonban, hogy hatásuk többnyire nem kielégítő, helytelen alkalmazásuk számos esetben rezisztens törzs/ek kialakulását eredményezi.

Munkánk során a különböző típusokba tartozó izolátumok gyors és megbízható tipizálására 2 különböző módszert dolgoztunk ki. Ezeknek a módszereknek a felhasználásával jellemeztük az egészséges egyének valamint aknés betegek bőréről izolált *P. acnes* törzseket és meghatároztuk a *P. acnes* kolonizáció mértékét, topológiáját illetve kinetikáját. A törzsek szekvencia típusokba valamint klonális komplexekbe való bontása segítségével immáron elkülöníthetőek a kommenzalista valamint a patogén *P. acnes* izolátumok, amelyek teljes genomszekvenciáinak összehasonlításával számos különbséget azonosítottunk: ezek potenciálisan a morfológiai különbségekért, a patogenitásért, az antibiotikum-rezisztenciáért illetve a virulenciáért felelős faktorok.

---

**SINKLER RÉKA**

Élelmiszeripari mérnöki  
BSc, 6. félév

Sapientia, Erdélyi Magyar  
Tudományegyetem  
Műszaki és Társadalomtudományok

**KÓNYA ISTVÁN ATTILA**

Ipari környezetmérnöki  
BSc, 6. félév

Sapientia, Erdélyi Magyar  
Tudományegyetem  
Műszaki és Társadalomtudományok

**KONCZ MIHÁLY**

Ipari környezetmérnöki  
BSc, 6. félév

Sapientia, Erdélyi Magyar  
Tudományegyetem  
Műszaki és Társadalomtudományok

*Témavezetők:*

*dr. György Éva*

*egyetemi docens, EMTE MTK*

*dr. András Csaba Dezső*

*egyetemi tanársegéd, EMTE MTK*

*dr. Laslo Éva*

*egyetemi tanársegéd, EMTE MTK*

---

**Fertőtlenítőszeres hatékonyságának vizsgálata ivóvízben előforduló különböző allochton mikroorganizmusok esetén**

Munkánk során Kovászna megye keleti régiójában előforduló egyes borvízforrások és kutak vizének mikrobiológiai vizsgálatát végeztük szabványos tenyésztési eljárásokkal. A mintavételi helyek: Kézdivásárhely, Kézdioroszfalu, Fortyogófürdő, Kovászna valamint Zabola területén előforduló borvízforrások és kútvezek. A kiválasztott források és kutak vizét a helyi lakosság rendszeresen fogyasztja ivóvízként. Első lépésben a vízminták mikrobiológiai minőségének vizsgálatára került sor. Meghatároztuk a mezofil aerob telepképző baktériumok összcsíraszámát, az allochton mikroorganizmusok közül a koliform baktériumok, a fekális koliformok és *Streptococcus*ok, a *Clostridium*ok, a *Pseudomonas*ok és a mikroszkopikus penészgombák jelenlétét mutattuk ki. A klóramin és a jódt antimikrobiális hatását a vízmintákból izolált *Escherichia coli* és *Pseudomonas fluorescens* törzsek esetében végeztük, az egészségvédelmi szempontból is elfogadható, valamint megfelelően antimikrobiális hatású fertőtlenítőszer koncentráció meghatározása céljából.



---

**TÓTH ESZTER JUDIT**

biológus

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Papp Tamás*

*egyetemi docens, SZTE TTIK*

---

**Bakteriális és gomba eredetű xantofill bioszintézis gének kifejeztetése *Mucor circinelloides*ben**

A *Mucor circinelloides* egy  $\beta$ -karotin termelő járomspórás gomba, mely régóta használt modellorganizmusa a fonalas gombákkal kapcsolatos genetikai, valamint molekuláris és sejtbiológiai kutatásoknak. A  $\beta$ -karotin oxigén tartalmú, keto-, illetve hidroxil-csoportokat hordozó xantofill származékai (pl. az asztaxantin, a kantaxantin, a zeaxantin és a  $\beta$ -kriptoxantin) kiváló antioxidánsok és számos az emberi és állati egészségre kedvező hatással rendelkeznek, továbbá értékes komponensei különböző takarmány, élelmiszeripari, kozmetikai és gyógyszeripari terméknek. Napjainkban, az iparban használt karotinoidok túlnyomó többségét szintetikus úton állítják elő.

Kutatásunk célja a  $\beta$ -karotin átalakítására alkalmas enzimeket kódoló gének kifejeztetése *M. circinelloides*-ben, hogy megvizsgáljuk a xantofill-termelés lehetőségét és biológiai feltételeit ebben a gombában. Ezért transzformációs kísérleteket végeztünk vad típusú és kantaxantin termelő mutáns *M. circinelloides* törzsekkel a *Xanthophyllomyces dendrorhous* asztaxantin-termelő bazídiumos gomba  $\beta$ -karotin oxidázt (crtS) és a *Paracoccus* sp. N81106 asztaxantin-termelő tengeri baktérium  $\beta$ -karotin hidroxilázt (crtZ) kódoló génjeit hordozó vektorokkal és elemeztük az így nyert transzformánsok karotinoid termelését. A transzformánsok karotinoid összetételét különböző szénforrást tartalmazó táptalajokon és különböző tenyésztési hőmérsékleten is megvizsgáltuk. A crtS gén által kódolt enzim esetében a  $\beta$ -karotin hidroxiláz aktivitás mellett ketoláz aktivitást is sikerült kimutatnunk. A crtS és crtW géneket is hordozó transzformánsokban a keto-származékok közül a kantaxantin mennyisége volt a legnagyobb. A crtZ és a  $\beta$ -karotin ketolázt kódoló crtW géneket hordozó transzformánsok esetében sikerült meghatároznunk olyan tenyésztési körülményeket, amelyekkel fokozható a hidroxilált és ketolált  $\beta$ -karotin származékok mennyisége.

---

**TUZA SZABINA**

biológia

BSc, 5. félév

Eszterházy Károly Főiskola

Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Pál Károly  
adjunktus, EKF TTK*

---

**A húgyúti infekciók leggyakoribb kórokozóinak a kimutatása, identifikálása és antibiotikum rezisztencia vizsgálata**

A húgyúti infekciók kevés kivétellel bakteriális kórképek, az infekcióért felelős kórokozók főként a normál bélflóra alkotói közül kerülnek ki. A húgyúti fertőzések a lakosság jelentős részét érintik, a második leggyakoribb fertőzősként tartják számon. Ebből adódóan igen fontos a megfelelő terápia alkalmazása.

Kísérletes munkám jelentős hányadát a Mátrai Gyógyintézet Központi Laboratóriumában végeztem. Összesen 1188 vizeletminta feldolgozásában vettem részt. A minták 39,3 %-a (467 minta) pozitív volt valamilyen uropatogén kórokozóra, ebből 60 % *Escherichia coli*, 18 % *Proteus mirabilis*, 13 % *Klebsiella* sp. és 8 % *Enterococcus faecalis* volt. A izolátumok antibiotikum rezisztenciáját 16 antibiotikummal szemben teszteltük, az eredmények alapján új rezisztencia kialakulása nem volt kimutatható.

A nőket életük folyamán gyakrabban érintik a húgyúti megbetegedések (több mint 50 % az esélyük a fertőzésre) és anatómiai adottságaikból adódóan egyúttal fogékonyak lehetnek a hüvelyi fertőzésekre is. Az egészséges hüvely savas kémhatását tejsavtermelő mikrobák, elsősorban *Lactobacillus* fajok biztosítják. Ezek a fajok képesek megakadályozni a patogének elszaporodását, köszönhetően sav- és bakteriocin termelésüknek. Kísérleteket végeztünk 8 tejsavtermelő baktérium törzssel, melynek során azt vizsgáltuk, hogy ezek milyen mértékű antagonistát hatást fejtenek ki az uropatogén baktériumokra. A tejsavbaktériumok élő sejtjeit és sejtmentes felülűszóit is megvizsgáltuk, az eredmények pedig arra utaltak, hogy 3 baktérium (mindhárom *Lb. acidophilus*) sejtmentes felülűszói hatékonyabbak, mint amikor az élő sejteket használtunk.

A továbbiakban tervezzük újabb tejsav termelő baktériumok bevonását az antagonizmus vizsgálatokba, valamint szeretnénk 2D SDS-gélelektroforézissel és PCR-rel megvizsgálni ezeknek a törzseknek a bakteriocin-termelő képességét.

---

### MIKROBIOLÓGIA III.

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-516 terem, 13:00-15:15

Zsúri: Prof. Dr. Sipiczki Mátyás, Dr. Kucsera Judit, Dr. Csitári Gábor

|             |  |
|-------------|--|
| 13:00-13:15 | <b>Bátor Hajnalka</b> (OE RKK): Herbicidek hatása a talajban lévő mikrobiális biomasszára és enzim aktivitásra   |
| 13:15-13:30 | <b>Czuni Lilla</b> (PTE TTK): A majoranna ( <i>Origanum majorana</i> ) esszenciális olajának és főbb komponenseinek hatása a <i>Candida albicans</i> élesztőre   |
| 13:30-13:45 | <b>Kiss Ágnes</b> (DE TTK): A <i>Candida albicans</i> morfológiai átalakulása mint nem általános környezeti stresszválasz  |
| 13:45-14:00 | <b>Pálfi Xénia</b> (SZTE TTIK): Toxintermelő <i>Fusarium</i> fajok és antagonistáik előfordulása hazai kukoricatermő területeken   |
| 14:00-14:30 | szünet   |
| 14:30-14:45 | <b>Samu Alíz</b> (SZTE TTIK): Szemfertőzésekben származó <i>Aspergillus flavus</i> -rokon izolátumok molekuláris jellemzése  |
| 14:45-15:00 | <b>Szekeres Sándor</b> (SZIE ÁOTK): Gemenci kisemlősök és kullancsok járványtani és ökológiai vizsgálata   |
| 15:00-15:15 | <b>Tóth Liliána</b> (SZTE TTIK): Az amantadin hidroklorid, az R(-)-deprenil hidroklorid és a valporinsav; illetve antifungális szerekkel történő kombinációjuk <i>in vitro</i> hatása központi idegrendszeri fertőzést okozó fonalgomba izolátumok ellen |

---

---

**BÁTOR HAJNALKA**

Környezetmérnök

BSc, 3. félév

Óbudai Egyetem

Rejtő Sándor Könnyűipari és Környezetmérnöki Kar

*Témavezető:*

*Dr. Bayoumi Hamuda Hosam*

*egyetemi magántanár, egyetemi docens, OE RKK*

---

### **Herbicidek hatása a talajban lévő mikrobiális biomasszára és enzim aktivitásra**

A peszticidek környezetkímélő alkalmazása, a kívánt hatás eléréséhez szükséges legkisebb mennyiség használatának igénye megkívánja, hogy figyelembe vegyünk a talaj fizikai, kémiai és biológiai tulajdonságainak, víz- és tápanyag-ellátottságának, a tápanyag-utánpótlás módjának és mértékének, az agrobiotechnológiai hatását az alkalmazott szerek hatékonyságára az agro-ökoszisztémákban.

A egy hétig tartó 28°C-on 45%-os talajnedvesség tartalomban végzett laboratóriumi kutatásunka négy herbicid alkalmazásával (Glifozát, Treflan, 2,4-D és Acetoklór) a következő paraméterek (mikrobiális szén biomassza, a talaj összes széntartalma, a szén-dioxid kibocsátás, a talaj enzimaktivitás) elemzésére irányul, különböző herbicid dózisok alkalmazásával, azonos és elkülönülő érzékenységgű réti csernozjom és a kovárványos barna erdőtalaj mintázatokra.

A dolgozat összegzi az elért eredményeket a herbicidek környezetre való hatásának vonatkozásában. A kísérletek eredményei alapján megállapítottam, hogy:

- A herbicidek toxicitási sorrendje a vizsgálati tényezők alapján ez lett: Glifozát > Treflan > 2,4-D > Aceto-klór.
- Az előbb felsorolt paraméterek a réti csernozjom talajnál magasabbak voltak, mint a kovárványos barna erdőtalajnál.
- 100 mg/kg herbicid mindkét talajban gátolt minden kísérleti paraméter.
- 10 mg/kg herbicid alkalmazása során a gombák, az FDA illetve az MBC ellenállóbb, mint a baktériumok és a cellulózbontó mikrobák.
- A 0,1 és 1 mg/kg mennyiségű herbicidnek stimuláló hatása volt minden paraméterre.

Ezek az eredmények arra utalnak, hogy a Glifozát toxicitása a legmagasabb, így ez befolyásolja a leginkább a talaj biológiai rendszerét, mivel csökkent a tápanyagtartalom.

Összefoglalásképpen, a talajok herbicidekkel való kezelése serkenti a talaj biokémiai és mikrobiális tulajdonságait.

A talajok eredményes herbicid-kezelése érdekében szükséges vizsgálni a talaj biológiai tulajdonságait, melyek szoros összefüggésben vannak a talaj minőségével. A talajok biokomponensei általában gyorsabban reagálnak a változó talajkörülményekre, mint a talaj fiziko-kémiai tulajdonságai, ezért a talajban élő mikrobapopulációk és az enzimaktivitás mértéke bioindikátorként szolgál a talaj termőképességét illetően.

---

**CZUNI LILLA**

Biológus

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Gazdag Zoltán*

*egyetemi adjunktus, PTE TTK*

---

**A majoranna (*Origanum majorana*) esszenciális olajának és főbb komponenseinek hatása a *Candida albicans* élesztőre**

A népi gyógyászatban évszázadok óta elismerik a növényeket és esszenciális olajokat, mint antimikrobiális hatóanyag. Az esszenciális olajok antimikrobiális tulajdonsága nagyrészt a monoterpéneknek, szeszkviterpéneknek, terpén alkoholoknak valamint fenol-típusú vegyületeknek tulajdonítható. A baktericid és bakteriosztatikus aktivitáson felül a monoterpének a gombás fertőzések kezelésében is használatosak.

Kísérleteink célja, hogy igazoljuk és tanulmányozzuk a majoranna esszenciális olajának és legfőbb komponenseinek a *Candida albicans* 33erg<sup>+</sup> törzsére kifejtett antifungális hatását.

A szaporodás gátlásának vizsgálata során kapott eredmények szerint az olaj 0,75 µl/ml-es koncentrációja teljes gátlást mutatott a *Candida* szaporodásában. Élő sejtszám meghatározás során az olaj 1 µl/ml-es koncentrációja 60 perc elteltével már több mint 20%-os csökkenést idézett elő a sejtszámban. A 0,25 µl/ml-es koncentráció 80% közeli sejtpusztulást okozott, ezt határoztuk meg szubinhibítori koncentrációnak. Kísérleteink során meghatároztuk, hogy a majoranna olaj és a terpinén-4-ol 2 µl/ml, a flukonazol 2 µg/ml és az amphotericin B 0,25 µg/ml minimális gátló koncentrációval rendelkezik a *Candida albicans* 33erg<sup>+</sup> törzsön vizsgálva. Az olaj hatására a sejtekből kiáramló 260 nm-en abszorbeáló anyagok mennyiségét mértük spektrofotométerrel, a 0,5 µl/ml-es koncentráció már erős kiáramlást okozott a sejtekben. A majoranna olaj teljes antioxidáns kapacitását mértük ABTS<sup>•+</sup> módszerrel. Már az olaj 10000-szeres hígítása is mutatott gyökfogó képességet.

A továbbiakban az olaj egyéb komponenseinek az antifungális anyagokkal való szinergista kölcsönhatásait, és elektron paramágneses rezonancia (EPR) spektroszkópiával a törzs plazmamembránjára kifejtett hatását kívánjuk vizsgálni, mivel az irodalom szerint ezen vegyületek egyik legfontosabb támadáspontja a sejtmembrán. A leghatásosabbnak kimutatott komponensekkel humán limfocitákon tervezünk végrehajtani citotoxicitási és genotoxicitási kísérletet. Meglátásunk szerint az olajkomponenseknek fontos szerepe lehet a humán gyógyászatban a *Candidák* okozta szisztémás mikózisok kezelésében, segítve az antifungális antibiotikumokat a rezisztens élesztő törzsek elpusztításában.

---

**KISS ÁGNES**

Biomérnök

MSc, 2. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Pócsi István*

*tanszékvezető egyetemi tanár, DE TTK*

*Jakab Ágnes*

*PhD-hallgató, DE OEC*

---

**A *Candida albicans* morfológiai átalakulása mint nem általános környezeti stresszválasz**

Munkám során az opportunistá patogén *Candida albicans* szülői és terc-butil-hidroperoxid (tBOOH) toleráns mutáns törzsek stresszhatásokra bekövetkező élesztő→pszeudohifa/hifa (É→PH/H) morfológiai változásának környezeti stresszválással (ESR) való kapcsolatát vizsgáltuk. Előzetes kísérleteink során megállapítottuk, hogy az oxidatív stressztoleráns *C. albicans* mutánsoknál 20 alkalmazott stresszor esetén kialakul a keresztolerancia, ami az ESR jelenlétére utal.

A kísérletek során az élesztőt mindazon stressznek kitettük, amivel a gazdaszervezetben, illetve a szervezeten kívüli helyeken egyaránt találkozhat. Ennek érdekében a szülői és mutáns *C. albicans* törzseket oxidatív, ozmotikus, nehézfém, sejtfal, sejtmembrán, *Unfolded Protein Response*-t (UPR) generáló, továbbá pH, hideg és hő stresszt kiváltó ágensekkel kezeltük.

A stresszorok alkalmazásakor a *C. albicans* törzsek alacsony glükózfogyási rátával jellemezhetők, tehát a stacioner fázisba való belépés és a morfológia megváltozása között nincs összefüggés. A stresszmentes tenyészetekben kizárólag élesztő sejteket figyeltünk meg, a stresszorok alkalmazásakor pedig eltérő ágensek váltották ki az É→PH/H átkapcsolást, így ez a jelenség nem tekinthető általános stresszválasznak.

Tehát a korábbi feltevés, miszerint a gomba környezeti stresszre morfológiai változással válaszol az ESR használata helyett (Gasch, 2007), így nem helytálló. A dolgozatban összefoglalt eredményinkből ugyanis megállapítható, hogy a *C. albicans* a környezeti stresszre válaszolhat morfológiai átalakulással, de mivel ez stressz körülmény és törzsfüggő, nem az ESR indikátora.

---

**PÁLFI XÉNIA**

Biológus MSc

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Mesterházy Ákos*

*tudományos igazgató, Gabonakutató Nonprofit Kft.*

*Dr. Tóth Beáta*

*tudományos főmunkatárs, Gabonakutató Nonprofit Kft.*

---

### **Toxintermelő *Fusarium* fajok és antagonistáik előfordulása hazai kukoricatermő területeken**

Napjainkban a gabonatermesztés az egyik legsebezhetőbb terület a klímaváltozás tükrében. Ez kihat az élelmiszerbiztonsági szempontból kritikus gombafajok (*Fusarium* és *Aspergillus* nemzetségek tagjai) járványaira, amelyek ezért igen komoly gazdasági károkat okoznak. Ebben a dolgozatban a *Fusarium* fajokat elemezzük a legutóbbi (1977) felmérés óta először. Ezen túl esetleges antagonisták előfordulását is vizsgáltuk.

2010-2011 között felmérést végeztünk két termőhelyről származó 6-6 kukoricahibrid (3 fogékony és 3 jobb szántóföldi ellenállóságú) magmintáiból. Az izolált *Fusarium* törzsek meghatározása morfológiai bélyegek és molekuláris módszerek révén történt. A minták fumonizin és dezoxinivalenol (DON) tartalmát HPLC-MS vizsgálattal mértük meg. Célunk a 35 évvel ezelőtti felmérés adataival való összehasonlítás, valamint a gyengébb és a jobb ellenállóságú hibridcsoportról izolált *Fusarium* törzsek fertőzőtségi százalékának, és a mintából kapott toxinadatok összevetése. O'Donnell és mtsai új fajokat fedeztek fel a *Fusarium graminearum* fajon belül belül több génszakasz szekvenciaanalízisével. A kukoricáról származó hazai *F. graminearum* populáció (n=39) hasonló jellegű vizsgálatát végeztük el, melyet kiegészítettünk az izolátumok toxintermelő képességének vizsgálatával.

A kétéves felmérésünk eredményei részben hasonlóak a 35 évvel korábbi felmérés adataival: 2010-ben, mikor csapadékosabb volt az időjárás (hasonlóan az 1974-es évhez), a *F. graminearum* és a *F. subglutinans* előfordulási aránya volt a legnagyobb, míg a szárazabb 2011-ben (hasonlóan 1975-höz) a *F. verticillioides* került előtérbe. *F. culmorum*-ot nem tudtunk kimutatni kukoricamintákról, de a *F. proliferatum* gyakoriság lényegesen megnőtt a korábbi felvételezésekkel szemben. Toxinokat EU határérték feletti mennyiségben nem detektáltunk. A hazai *F. graminearum* populáció molekuláris vizsgálata alapján az izolátumok a *F. graminearum sensu stricto* fajba tartoznak, melyek rizses táptalajon leginkább zearalenont termeltek. A hazai 2011-es kukoricáról több endofita *Sarocladium zeae* és *Clonostachys rosea* törzset izoláltunk és azonosítottunk molekuláris módszerekkel. Ez az első adat hazai előfordulásukról. A *S. zeae* törzsekkel (n=10) antagonista vizsgálatokat végeztünk különböző *Fusarium* fajokkal és *A. flavus* izolátumokkal szemben. Jelentősebb antagonizmust az *A. flavus* izolátumokkal szemben kaptunk, a *F. verticillioides* izolátumokra ezek nem, vagy csak igen gyengén hatottak.



---

**SAMU ALIZ**

biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Varga János*

*egyetemi docens, SZTE TTIK*

---

**Szemfertőzésekől származó *Aspergillus flavus*-rokon izolátumok molekuláris jellemzése**

Különféle mikroorganizmusok által okozott fertőzések érinthetik a szem bármelyik részét, de leggyakoribb a szaruhártya megbetegedése. A szaruhártya gyulladását keratitisnek nevezzük. Ilyen megbetegedést számos mikroorganizmus kiválthat, például az *Aspergillus* fajok is. Leggyakrabban az *A. fumigatus* okoz megbetegedést, de más *Aspergillus* fajok, mint például *A. flavus*, *A. terreus*, és az *A. niger* fajkomplex tagjai is jelentősek, mint opportunistá humán patogének. Nagyon fontos a klinikai *Aspergillus* izolátumok fajsztípus meghatározása, mert a különböző fajok eltérő mértékben lehetnek érzékenyek gombaellenes szerekre. Az *Aspergillus* nemzetség *Flavi* tagozatjának tagjai aflatoxin termelő képességük mellett klinikai szempontból is jelentősek. Munkánk során 52 Indiából származó, előzetes morfológiai vizsgálatok alapján az *A. flavus* fajba sorolt, szemfertőzésekől származó klinikai izolátum fajmeghatározását végeztük el a kalmódulin gén egy szakaszának PCR technikával történő amplifikálása, majd szekvenciájának meghatározása révén. Ennek eredményeként a következő fajeloszlást kaptuk: 46 izolátum az *A. flavus*, 4 az *A. tamarii*, míg 1-1 izolátum az *A. terreus* és *A. pseudotamarii* fajba tartoztak. Az *A. pseudotamarii*-t elsőként sikerült azonosítanunk mint humán patogén szervezetet. Vizsgáltuk az izolátumok genetikai variabilitását UP-PCR technikával. Az *A. flavus* izolátumok kis mértékű változékonyságot mutattak összevetve a korábban vizsgált kukoricáról származó izolátumokkal. Vizsgáltuk az *Aspergillus* izolátumok párosodási típus génjeit (MAT) is. Valamennyi *A. flavus*, *A. tamarii* és *A. pseudotamarii* izolátum a MAT-1 idiomorfot hordozta. Az izolátumok aflatoxin termelő képességét vékonyréteg kromatográfiás, illetve HPLC módszerrel vizsgáltuk. A legtöbb *A. flavus* izolátum és az *A. pseudotamarii* izolátum termelt mind aflatoxin B1-et, mind B2-t YES tápoldatban. Az izolátumok antifungális szerekkel szembeni érzékenységének vizsgálata folyamatban van.

---

**SZEKERES SÁNDOR**

biológus

MSc, 9. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Földvári Gábor**egyetemi adjunktus, SZIE ÁOTK**Rigó Krisztina**PhD-hallgató, SZIE ÁOTK*

---

**Gemenci kismélsők és kullancsok járványtani és ökológiai vizsgálata**

Magyarország természetes és urbánus élőhelyein nagy számban vannak jelen a kismélsők, melyek fontos gazdái a kullancsok nimfáinak és lárváinak, emiatt központi szerepet játszhatnak az élőhelyek kullancs populációjának, ezáltal közvetetten a kullancsok által terjesztett kórokozók (pl. *Babesia* spp., *Hepatozoon* spp., *Anaplasma* spp., *Borrelia* spp.), fenntartásában is. Vizsgálatunk során Gemencen – a Duna árterében – három helyszínen, módosított Sherman csapdával gyűjtöttünk kismélsőket 2010. és 2012. között. A csapdázás során 6 faj, a sárganyakú erdei egér (*Apodemus flavicollis*), pírók erdei egér (*A. agrarius*), vöröshátú erdeipocok (*Myodes glareolus*), mezei pocok (*Microtus agrestis*), házi egér (*Mus musculus*), törpeegér (*Micromys minutus*) egyedeit csapdáztuk. A nem védett fajok túllátását követően eltávolítottuk róluk a külső parazitákat, és szövetmintákat vettünk belőlük. Az ektoparazitákat és a kismélsőket alkoholban, a szövetmintákat fagyasztva (-20°C-on) tároltuk. A szövetmintákat molekuláris módszerekkel vizsgáltuk, felszaporítva bennük az esetleges kórokozók DNS-ét. A vizsgálat részeként 2012 májusában növényzetről is megkezdtük a kullancsok gyűjtését, és négy faj (*Dermacentor reticulatus*, *Dermacentor marginatus*, *Ixodes ricinus* és *Haemaphysalis concinna*) egyedeit találtuk meg. A kismélsőkön összesen 206 kullancsot találtunk a *D. marginatus*, *I. acuminatus*, *H. concinna* és *I. ricinus* különböző stádiumú egyedeiből.

Nyolc vöröshátú erdeipocok festett léplenyomatában *Hepatozoon* parazitákat figyeltünk meg. Ennek a protozoon fajnak az azonosításához izoláltuk a DNS-t a fertőzött egyedek lépmintáiból, és felszaporítottuk az egész 18S rDNS szakaszt, majd szekvenálással egy, még el nem nevezett fajhoz találtuk leghasonlóbbnak. Előzetes kísérletünk során 3 rágcsáló fajról (*M. glareolus*, *M. arvalis* és *A. agrarius*) bebizonyosodott, hogy megfigyelhetően kullancsot fogyasztott. Ennek a kórokozó terjedésében szerepe lehet.

A bőrmintákból mikroyöngyös módszert alkalmazva DNS-t vontunk ki. A minták esetleges *Borrelia*-fertőzöttségét a *Borrelia burgdorferi sensu lato* baktériumokra specifikus polimeráz láncreakció segítségével mutattuk ki. A szövetminták feldolgozása során 4 fertőzött mintát találtunk, amelyből 3 *A. agrarius* hímekből és 1 *A. falvicollis* nőtényből származott.

A kismélsőkről gyűjtött kullancsok között, egy *I. acuminatus* nimfa volt *Borrelia* PCR-pozitív.

---

**TÓTH LILIÁNA**

Biológus MSc

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Vágvölgyi Csaba*

*tanszékvezető egyetemi tanár, SZTE TTIK*

*Dr. Galgóczy László*

*tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

---

**Az amantadin hidroklorid, az R(-)-deprenil hidroklorid és a valporinsav; illetve antifungális szerekkel történő kombinációjuk *in vitro* hatása központi idegrendszeri fertőzést okozó fonalgomba izolátumok ellen**

A központi idegrendszert (KPI) érintő gombafertőzések halálozási aránya igen magas mivel nem áll rendelkezésre a kezelésüket elősegítő hatékony antifungális szer. A mikózisok kezelésének alapvető módja a sebészeti beavatkozás mellett, az antimikotikumok terápiás alkalmazása. Az egyes antifungális szerek terápiás alkalmazásának hatékonyságát a rhinocerebrális mikózisok esetén befolyásolja az a tény, hogy a vér-agy gáton nehezen jutnak át, így nagy dózisban kell alkalmazni, ami toxikus az emberi szervezetre nézve és súlyos mellékhatásokat okozhat. Munkánk egyik fő célja az volt, hogy a vér-agy gáton könnyen átjutó, a központi idegrendszerben felhalmozódó szereknek antimikotikumokkal történő kombinált alkalmazásával csökkentsük azok terápiásan alkalmazható koncentrációját, vagy javítsunk azok hatékonyságát. A problémát tovább súlyosbítja a széles spektrumú antibiotikumok nem megfelelő használata, melynek eredményeként rezisztens és multirezisztens törzsek jelennek meg. Munkánk során vizsgáltuk három, jól penetráló KPI szer (amantadin hidroklorid, AMD; R(-)-deprenil hidroklorid, R-DEP; valporinsav, NaVAP), illetve ezek antifungális szerekkel (amfotericin B, AMB; itrakonazol, ITZ; terbinafin, TBF) történő kombinációinak hatását nyolc, a járomspórás gombák törzsébe (*Absidia corymbifera*, *Rhizomucor miehei*, *Rhizopus microsporus* var. *rhizopodiformis*, *Saksenaea vasiformis*) és az *Aspergillus* nemzetségbe (*A. fumigatus*, *A. niger*, *A. flavus*, *A. terreus*) tartozó izolátummal szemben. Önmagukban alkalmazva a nem-antifungális szerek gyenge antifungális hatást mutattak a vizsgálatba bevont izolátumokkal szemben. A nem-antifungális szerek antifungális szerekkel kombinálva szinergisztikus, additív, illetve antagonisztikus kölcsönhatásba léptek járomspórás gombák ellen; kivéve a *Rh. microsporus* var. *rhizopodiformis* esetén, ahol a vizsgálatba bevont szerek között kölcsönhatást nem mutattunk ki. Az *Aspergillus* izolátumokkal szemben elsősorban antagonisztikus kölcsönhatás volt kimutatható a vizsgálat szerek között, de megfigyeltünk additív és szinergisztikus kölcsönhatást is. Az *in vitro* munkánk során megfigyelt additív és szinergisztikus kombinációk esetében kisebb koncentrációjú AMB, ITZ és TBF is elegendőnek bizonyult a gombák növekedésgátlásához. Ezek a szerkombinációk kiváló alapot nyújthatnak a közeljövőben egy, a KPI-t érintő gombafertőzések kezelésére alkalmazható hatékony antifungális terápia kifejlesztéséhez.

---

---

## MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-167 terem, 8:00-10:30

Zsűri: Prof. Dr. Boros Imre, Dr. Újfaludi Zsuzsanna, Dr. Jakab Endre

|             |  |
|-------------|--|
| 8:00-8:15   | <b>Bárkovics Bonita, Kaszás Krisztina (NYME TTMK):</b> Új kapcsoló a Rho-család aktivitásában: egy transzmembrán proteoglykán                      |
| 8:15-8:30   | <b>Csabai Zsolt (SZTE TTIK):</b> Antiszensz RNS-ek szerepe a génműködés szabályozásában  |
| 8:30-8:45   | <b>Gál Eleonóra (SZTE TTIK):</b> Az NCX szerepe a humán miofibroblasztok proliferációjában és migrációjában  |
| 8:45-9:00   | <b>Kanta Eszter (PPKE ITK):</b> Multidrog-rezisztens rákos sejtekre szelektíven toxikus vegyületek azonosítása, csoportosítása, és hatásvizsgálata |
| 9:00-9:30   | szünet   |
| 9:30-9:45   | <b>Nagy Noémi (ELTE TTK):</b> mTOR ( <i>mammalian target of rapamycin</i> ) aktivitás, mint hematológiai terápiás célpont                          |
| 9:45-10:00  | <b>Póti Ádám (ELTE TTK):</b> Egy nukleáris ATP-áz, a MORC3 és a DYNLL csomóponti fehérje kölcsönhatása   |
| 10:00-10:15 | <b>Vodicska Barbara (BMGE VBK):</b> Egy membránfehérje a sejt-magban   |
| 10:15-10:30 | <b>Gál Eleonóra (SZTE TTIK):</b> A nem-konjugált epesavak gátolják a kolon epitél sejtek sav-bázis transzportereinek aktivitását                   |

---

---

**BÁRKOVICS BONITA**

SOTE, ÁOK

BSc, 5. félév

Nyugat-magyarországi Egyetem

Természettudományi és Műszaki Kar

**KASZÁS KRISZTINA**

biológia

BSc, 5. félév

Nyugat-magyarországi Egyetem

Természettudományi és Műszaki Kar

*Témavezető:*

*Dr. Szilák László*

*egyetemi docens, NYME TTMK*

---

### **Új kapcsoló a Rho-család aktivitásában: egy transzmembrán proteoglikán**

A kis GTP-ázok kb. 20 kDa méretű GTP/GDP kötő proteinek, amik egy tetraterpén láncsal vannak kihorgonyozva a membránhoz. GTP kötött formájuk aktív konformációt eredményez. Az aktív GTP-ázok bekötődve az effektor fehérjéikbe allosztérikusan aktiválják azokat. Az endogén GTP-áz aktivitásuk következtében a kötött GTP GDP-vé hidrolizál, ami inaktív konformációt eredményez, és a GDP-kötött forma ledisszociál az effektor fehérjéről, a komplex szét esik. A hidrolízist GAP enzimek (GTP-áz aktiváló proteinek) gyorsíthatják. Az aktiválás során a GDP kicserélődik GTP-re, ezt a cserét a GEF enzimek (guanin kicserélő faktorok) katalizálják. Általában a GEF-ek, GAP-ek, és effektoraik GTP-áz specifikusak. A hidrolízist vagy a GTP/GDP cserét a guanin disszociációs inhibitor (GDI) gátolja.

A Ras szuper családdhoz tartozó Rho-család magában foglalja a RhoA-t, Rac1-t, és CDC42-t, amelyek szerteágazó folyamatokat szabályoznak: a sejtosztódástól a membrándinamikán keresztül az aktin-átrendeződésig. Meghatározzák a sejtekben zajló folyamatokat, így többek között a sejtek polarizációját, ami az epitél sejteknél apiko-bazális, illetve a migráló sejteknél front-farki.

Az I. típusú transzmembrán, proteoglikán syndecan család négy tagból áll. A syndecan-4 számos jelátviteli útvonalban részt vesz, így többek között a Rac1 aktivitásának szabályzásában is. Régóta ismert, hogy syndecan-4 KO sejtekben a Rac1 aktivitás megnő, ezért valószínű, hogy a Rac1 aktivitás csökkentésben van szerepe. Mivel a Rac1 és RhoA aktivitások egymás komplementjei ezért áttételesen a RhoA aktivitásáért is felelős. A szakirodalom eddig adós egy átfogó szabályozási modellel. Az eddig jellemzett Rac1-aktivitás szabályzó modell egy bonyolult mechanizmust takar amit sebzéses, ill. FGF2 indukcióban írtak le.

A jelen munkában megmutatjuk, hogy a transzmembrán syndecan-4 foszforiláltsági állapota hogyan befolyásolja az aktív Rac1 és ezzel párhuzamosan a Rho szintet és lokálisan a CDC42 aktivitást is. Immunblottal bizonyítjuk, hogy a foszforilált syndecan-4 gátolja a Rac1-GTP képződést. Kettős mutánsok használatával rávilágítottunk arra, hogy a gátláshoz szükséges a PDZ kötőhely. Mivel a GDI szabályzásban nem találtunk eltérést ezért egy GEF-en keresztüli gátlást valószínűsítettünk.

---

**CSABAI ZSOLT**

Biológus

MSc, 10. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Boldogkői Zsolt**egyetemi tanár, SZTE ÁOK**Tombácz Dóra**egyetemi adjunktus, SZTE ÁOK*

---

**Antiszensz RNS-ek szerepe a génműködés szabályozásában**

Számos lépés található a DNS-től a fehérjéig tartó útvonalon, alapvető ezek közül a gén-expresszió szabályozása. Az antiszensz (as)RNS-ek kulcsszerepet játszanak ebben. Ezen, ún. nem-kódoló RNS-ek génexpresszióban betöltött szerepének vizsgálatához modellszervezetként egy dsDNS alfa (neurotróp) herpeszvírust, az Aujeszky-féle vírus (AyV) használtuk. A vírus 70 fehérje kódoló gént tartalmaz, kevés intron és alacsony számú intergenikus régió jellemzi, amely alkalmassá teszi a génexpresszió vizsgálatára. A gének kifejeződését szálspecifikus primerekkel elvégzett reverz transzkripciót (RT) követően real-time PCR-al vizsgáltuk. Különböző kinetikai osztályokba soroltuk őket a kifejeződésük időrendje szerint, ide tartoznak az azonnali korai-, korai- és a kései gének. Eredményeink szerint az ún. egymásba ágyazott (nested) gének azonos, az egymással szembeni orientációjú (konvergens) gének ellenkező kinetikai osztályokba tartoznak. A specifikus RT primerek segítségével lehetővé vált mindkét DNS szálról való transzkripció vizsgálata, így az mRNS-ektől elkülönülten, az as-RNS-ek kifejeződését is tudtuk vizsgálni. Kidolgoztunk egy új, a két komplementer RNS szálat elkülönítő módszert, mellyel az eddig ismert technikák minden hibája kiküszöbölhető. Úgynevezett, biszulfid konverziót alkalmaztunk ezen hibák elkerülése érdekében, az RNS-en a reverz transzkripciót megelőzően konvertáltuk a citozinokat uracillá. Antiszensz expressziót tudtunk detektálni gyakorlatilag az AyV összes génjénél, igazoltuk ezt real-time PCR-al, valamint pirosekvenátor segítségével is. Megállapítottuk, hogy két transzaktivátor gén (ie180, ep0), valamint az ugyanazon génlokuszokból leíró as-RNS-ek (AST, LAT) expressziós profilja egymáshoz képest ellentétes, inverz. Kimutattuk, hogy bizonyos genomi régiókban magas, az mRNS-ek kópiaszámát (R érték) is meghaladja as-RNS-ek R értéke. Ezen eredmények, valamint szakirodalmi adatok alapján felállítottuk egy hipotézist, azaz a Transzkripciós Interferencia Hálózatot (TIN: *Transcriptional Interference Network*), ami egy teljesen új génregulációs szintet jelent, azt magyarázza, hogy az antiszensz transzkriptumok hogyan hatnak az egymáshoz közeli gének expressziójára.



---

**GÁL ELEONÓRA**

Biológia

BSc, 8. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Czepán Mátyás**rezidens, SZTE ÁOK**Dr. Hegyi Péter**csoportvezető egyetemi tanár, SZTE ÁOK Pancreas munkacsoport*

---

**Az NCX szerepe a humán miofibroblasztok proliferációjában és migrációjában**

A myofibroblastok fontos szerepet játszanak krónikus gastritisben és hozzájárulnak a gyomorrák kialakulásához. Részt vesznek a gyomor nyálkahártya re-modelingjében a malignus transzformáció közben, illetve segítik a metasztázis képződését és a malignus sejtek terjedését. Erőteljesen szaporodnak és migrálnak a *sub-epithelium*-ban, amely az intracelluláris kalcium szignalizáció nagyfokú igénybevételét okozza. Célunk az volt, hogy megvizsgáljuk az intracelluláris kalcium szignalizációt humán gyomor eredetű myofibroblasztokban és teszteljük különböző kalcium antagonisták hatását a migrációra és a proliferációra. Humán gyomor eredetű myofibroblastokat izoláltunk operációból származó rezekciós szövetszélből (n=3), illetve cadaver donorokból (n=2). Minden sejten SMA és vimentin immuncitokémiai vizsgálatot végeztünk, hogy a tenyészetek tisztaságát ellenőrizzük. Az intracelluláris kalcium koncentrációt FURA2-AM fluoreszcens festék segítségével mértük az idő függvényében microfluorimetriával. Ion megvonásos módszert és különböző kalcium csatorna inhibitorokat használtunk. Karc sebzéses migrációs vizsgálatokat végeztünk, hogy a plasmalemmális nátrium/kalcium exchanger (NCX) inhibitorok (CB-DMB, nikkel klorid), illetve L-típusú kalcium csatorna blokkoló (verapamil) hatását vizsgáljuk a sejtek bazális és inzulin-szerű növekedési faktor 2-vel (IGF-II) stimulált migrációjában. Ethynil deoxi-uridine (EdU) inkorporációs vizsgálatot pedig a sejtek bazális és IGF-II-vel stimulált proliferációjának vizsgálatára használtuk a fenti inhibitorokkal jelzett kombinációban. A tenyészetek több mint 99%-a SMA-ra és vimentinre pozitív volt. A mikrofluorimetria alapján a sejtek felében detektáltunk nem-szinkronizált spontán monofázisos kalcium oszcillációt, amely CB-DMB-vel és nikkel kloriddal gátolható volt. Verapamillal nem tapasztaltunk gátlást. Az NCX inhibitorok – a verapamillal ellentétben – a migrációs rátát csökkentették, bár minden gátlószer rontotta a sejtek IGF-II-vel stimulált motilitását. A proliferációs vizsgálatok azt mutatták, hogy az összes inhibitor, leginkább a nikkel klorid, nagymértékben csökkentette mind a sejtek bazális, mind IGF-II-vel stimulált proliferációját. Konklúzió: A humán gyomor eredetű myofibroblastok funkcionálisan aktív plasmalemmális NCX-t tartalmaznak, amely intracelluláris kalcium oszcillációt okoz. Ezekben a sejtekben az NCX és az L-típusú kalcium csatornák kardinális szerepet játszanak az IGF-II-re adott proliferációs válaszban *in vitro*.

---

**GÁL ELEONÓRA**

Biológia

BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Pallagi-Kunstár Éva*

*Pancreas munkacsoport, SZTE ÁOK*

*Dr. Hegyi Péter*

*csoportvezető egyetemi tanár, SZTE ÁOK Pancreas munkacsoport*

---

**A nem-konjugált epesavak gátolják a kolon epitél sejtek sav-bázis  
transzportereinek aktivitását**

Bevezetés, célkitűzés: Az elektroneutrális NaCl felszívásért a kolonban a  $\text{Na}^+/\text{H}^+$  (NHE) cserélők és a  $\text{Cl}^-/\text{HCO}_3^-$  cserélő (AE) együttes működése felelős. Ezen iontranszporterek károsodott működése hozzájárul a különböző hasmenéssel járó betegségek megjelenéséhez. Ismert továbbá, hogy ha az epesavak nagy koncentrációban jutnak a kolonba (pl. ileum-rezekció, kolecisztektómia esetén) az krónikus hasmenés kialakulásához vezethet. Célul tűztük ki, hogy megvizsgáljuk az epesavak kolon epitél sejtek iontranszport mechanizmusára gyakorolt hatását.

Metodika: Humán biopsziás mintából kollegenázos emésztéssel kolon kriptákat izoláltunk, majd mikrofluorimetriás módszerrel intracelluláris pH-t (pHi) és ATP-t (ATPi) mértünk. Az NHEk és az AE aktivitásait az extracelluláris folyadék ionkoncentrációjának változásával mértük. Konfokális mikroszkóppal vizsgáltuk a mitokondrium transzmembrán potenciál (MTP) változását. Transzmissziós elektronmikroszkóppal morfológiai vizsgálatokat végeztünk. Az epesavak közül a nem-konjugált kenodezoxikólsavat (CDC) és a konjugált glikokenodezoxikólsavat (GCDC) használtuk (0,1-1mM).

Eredmények: A kolon epitél sejtekben 0,3 mM CDC szignifikánsan gátolta a vizsgált ion transzporterek aktivitását. 0,3 mM és 1 mM CDC irreverzibilis ATPi csökkenést okozott. 1 mM CDC súlyos mitokondrium-károsodást idézett elő, mely nem volt megfigyelhető alacsonyabb koncentrációjú CDC vagy GCDC esetén. A CDC minden koncentrációban MTP csökkenést váltott ki. Szignifikánsan alacsonyabb NHE és AE aktivitásokat figyeltünk meg ileum-rezekált/kolecisztektomizált hasmenéses betegeknél.

Konklúzió: A humán kolon epitél sejtekben a nem-konjugált CDC ATP-szint csökkenését és mitokondriális károsodást okoz, valamint gátolja a sav/bázis transzporterek aktivitását. Ezek a káros folyamatok csökkenthetik a vastagbél folyadék és elektrolit-felszívását és hozzájárulhatnak a krónikus hasmenés kialakulásához.

---

**KANTA ESZTER**

molekuláris bionika

BSc, 5. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Szakács Gergely*

*tudományos főmunkatárs, MTA TTK Enzimológiai Intézet*

*Dr. Gáspári Zoltán*

*egyetemi docens, PPKE ITK*

---

**Multidrog-rezisztens rákos sejtekre szelektíven toxikus vegyületek azonosítása, csoportosítása, és hatásvizsgálata**

A rosszindulatú daganatos megbetegedések gyógyítása napjainkban az orvostudomány egyik fontos megoldandó feladata. Kezelésére az egyik leghatékonyabb eljárás a kemoterápia lehetne. A gyógyszerekkel szemben azonban a rákos sejtek gyakran képesek rezisztenciát kifejleszteni, ami miatt azok nem tudják kifejteni a hatásukat. Ilyen védekező mechanizmus a P-glikoprotein fehérje (Pgp) nagymértékű expresszállása. Ez a fehérje az egészséges szervezetben az élettanilag fontos védővonalak mentén fejeződik ki (pl. vér-agy gát), és megvédi a szervezetet az idegen molekuláktól. A rezisztens rákos sejtek túl-expresszállhatják ezt a fehérjét, amely így képes a kemoterápiás gyógyszereket kipumpálni, és a sejt túlélését biztosítani. A Pgp széles szubsztrátspecifitása miatt az ilyen sejtek ellenállnak a legtöbb ma használatos gyógyszernek, így ezeket multidrog-rezisztens (MDR) rákos sejteknek nevezzük. Megoldást nyújthatnak a problémára olyan vegyületek, amelyek specifikusan a magas Pgp-szinttel rendelkező sejteket képesek elpusztítani.

Az *NCI Developmental Therapeutics Program* (DTP) adatbázisában található citotoxici-tási adatok kiértékelésével, a toxikusság és a Pgp mennyisége között fennálló korreláció felvételével olyan vegyületeket azonosítottam, melyek toxicitása a Pgp expresszió mér-tékével arányos. Az ún. MDR-szelektív vegyületek annál hatékonyabbak, minél na-gyobb az adott sejt Pgp expressziója. A szűrően átment molekulákat szerkezetük alap-ján csoportosítottam, aminek eredményeként különböző kemotípusokat határoztam meg.

Az *in silico* keresésből eredményül kapott vegyületeket különböző sejtvonalakon teszt-eltem, majd a tesztek eredményének ismeretében kiválasztottam a legnagyobb szelekti-vitással rendelkező molekulát további *in vitro* tesztelésre: HCT-15 humán vastagbélrák sejtvonalat kezeltem több hónapig a kiválasztott szerrel. Céлом az volt, hogy csökken-jen a rezisztens sejtvonalban a Pgp-expresszió, így az eredetileg rezisztens sejtek el-pusztíthatóvá váljanak hagyományos kemoterápiás gyógyszerrel. A kísérlet sikeresnek bizonyult, a sejtek Pgp expressziója jelentősen lecsökkent, és a kezelés befejeztével sem tért vissza a kezdeti szintre. Eredményeimet a Pgp funkcióját mérő Calcein-efflux esszé-vel, sejtfelszíni epitóphoz kötődő antitestes jelöléssel, citotoxici-tási esszé-vel, RNS-mé-réssel (qPCR), és fehérje méréssel (Western blot) igazoltam.

---

**NAGY NOÉMI**

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Sebestyén Anna*

*tudományos főmunkatárs, SE ÁOK*

---

**mTOR (*mammalian target of rapamycin*) aktivitás, mint hemato-onkológiai  
terápiás célpont**

Az mTOR kináz jelátviteli hálózatok központi elemeként fontos szerepet játszik a sejtek, így a lymphoid sejtek proliferációjának, túlélésének szabályozásában. Gátlószereit alkalmazzák az immunszuppresszióban és célzott terápia részeként, számos daganatban is vizsgálják hatását. Az mTOR aktivitás és az inhibitoraival (mTORI) szembeni érzékenység tumortípusonként változó, lymphomákban eddig még kevésbé jellemzett.

A rapamycin és a jelenleg alkalmazott terápiás szerek hatásait vizsgáltuk lymphoma sejtekben *in vitro* és *in vivo*. Cytospin készítményeken és paraffinos metszeteken, áramlási citométer, western blot, és immun-hisztokémia segítségével vizsgáltuk a proliferációt, apoptózist és az mTOR útvonal aktivitását jellemző fehérjék mennyiségét. Két lymphomatípus betegeinek biopsziás anyagain az mTOR aktivitás részletes jellemzését is elvégeztük *tissue microarray* segítségével.

Kimutattuk a rapamycin proliferáció-, tumornövekedésgátló, hosszútávon apoptózist indukáló és kemoterápiás szerek hatását fokozó tulajdonságát Hodgkin (HL) és Diffúz nagy B-sejtes (DLBCL) és Burkitt lymphoma (BL) sejtvonalakban, xenograftokban. Az mTOR aktivitás és az mTORC1/C2 komplexek megjelenése a vizsgált humán tumorokban egyedi eltéréseket mutatott, ami oka lehet a jelenlegi mTORI-kal szembeni rezisztenciának. Vizsgálataink felhívják a figyelmet arra, hogy az mTOR aktivitás mellett a tumorok mTORC1 és C2 komplex arányának meghatározása is fontos a megfelelő mTORC1 vagy a fejlesztés alatt álló dual inhibitorok terápiás felhasználásakor.

---

**PÓTI ÁDÁM**

Biológus MSc

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Nyitrai László**tanszékvezető egyetemi tanár, ELTE TTK**Rapali Péter**egyetemi tanársegéd, ELTE TTK*

---

**Egy nukleáris ATP-áz, a MORC3 és a DYNLL csomóponti fehérje kölcsönhatása**

Az LC8 dinein könnyűlánc egy, az eukariótákban általános, 10,3 kDa-os dimer csomóponti fehérje, amely a dinein komplexben elfoglalt szerepe mellett számos egyéb partnerrel is rendelkezik. Gerincesekben két paralógja van (DYNLL1 és 2), melyek szekvenciája csak kevéssé tér el, és tisztázatlan köztük a funkcionális különbség. Partnereit egy rövid lineáris motívumon keresztül köti meg. A motívum átfogó jellemzése alapján bioinformatikai módszerekkel új humán partnereket jósoltak. A lehetséges partnerek között található a 107 kDa méretű MORC3 fehérje. A MORC3 olyan egy dimer sejtmagi fehérje, ami tartalmaz egy *coiled-coil*, egy ATP-áz és egy cink-ujj domént. Valószínűleg a nukleáris szubdomének szervezésében, fehérjék szekvesztrálásában, illetve a kromatin szervezésében és transzpozábilis elemek represszállásában vesz részt, továbbá kísérletesen kimutatták a H3 hisztonhoz való kötését is. Munkám elsődleges célja az LC8 és a MORC3 közti kölcsönhatás bizonyítása és a kölcsönhatás funkciójának felderítése volt. Első lépésben *GST pulldown* módszerrel igazoltam a kölcsönhatást, majd izotermális titrációs kalorimetria révén határoztam meg az interakció termodinamikai állandóit és affinitását. A kötőszekvenciát tartalmazó peptid a korábbiakban vizsgált azonos típusú motívumokhoz hasonló termodinamikai tulajdonságokkal köt, a disszociációs állandó értéke 1,7  $\mu\text{M}$ . Számos korábban azonosított kötőpartnerrel kimutatták, hogy az LC8 „molekuláris kapocsként” segíti azok dimerizációját, azaz stabilizálja a kötőhelyhez közeli *coiled-coil* szerkezetet. A MORC3 esetében is prediktálható az LC8 kötőmotívum közepében, attól karboxil-terminális irányban *coiled-coil*. Cirkuláris dikroizmus spektroszkópia segítségével kimutattam, hogy a MORC3 hélixtartalma, valamint olvadáspontja kötődés hatására nem változik lényegesen. Irodalmi adatok alapján az interakció további lehetséges funkciója a MORC3 sejtmagi importjának vagy szumoilációs állapotának befolyásolása. A jövőben tervezem, hogy sejtbioológiai módszerekkel tovább vizsgálom az LC8 és a MORC3 kölcsönhatás funkcióját és sejttélettani hatását.

---

**VODICSKA BARBARA**

Biomérnöki szak

MSc, 2. félév

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem

Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar

*Témavezető:*

*Dr. Welker Ervin*

*tudományos tanácsadó, laboratóriumvezető, MTA TTK MFI Fehérjekonformációs  
Betegségek Laboratórium*

---

### **Egy membránfehérje a sejtmagban**

A prion családba tartozó Prion (PrP) és Shadoo (Sho) fehérjék membránfehérjék, melyek szekréciós szignállal rendelkeznek N-terminálisukon, és így a szekréciós útvonalra kerülnek szintetizálódásuk során. C-terminálisukon glikozil-foszfatidil-inozitol(GPI)-horgony található, ennek segítségével kapcsolódnak a sejtmembránhoz. A fehérjék szubcelluláris lokalizációját fúziós konstrukciókban vizsgálva azt tapasztaltuk, hogy míg a Prion fehérje az emlős sejtek sejtmembránjában volt megtalálható, a Shadoo fehérje a normális membránlokalizáció mellett sejtmagi lokalizációt is mutatott a sejtek egy részében. TDK munkámban ezen kettősség okának feltárására koncentráltam.

Különböző fúziós fluoreszcens jelöléssel ellátott konstrukciókat emlős sejtenyészetben expresszáva vizsgáltam, hogy a Shadoo fehérje melyik része felelős a szokatlan viselkedésért. Mindkét fehérjében (PrP és Sho) található olyan szekvenciárészlet, amely a citoszolból a sejtmagba képes irányítani fehérjéket, azonban az, hogy egy szekréciós fehérje hogyan kerülhet a citoszolba, nem világos.

Kísérleteim során azonosítottam a Prion és a Shadoo fehérjének azt a szegmensét, amely eltérő szubcelluláris lokalizációjukért felelős: azt találtam, hogy a Prion fehérje GPI-szignáljának jelenlétében a citoszolikus/magi lokalizáció minimálissá válik. Ezzel ellentétben ugyanazon a fehérjekonstrukción a Shadoo fehérje GPI-szignáljának jelenlétében jelentős magi lokalizáció figyelhető meg. Eredményeim arra utalnak, hogy fehérjék számára létezik átmenet a szekréciós útvonal és a citoszol között, amely szignáltranszdukcióban való részvétel, illetve kettős funkció ellátása esetén bírhat nagy jelentőséggel. Az átmenet mechanizmusának megértése további kutatómunkát igényel.

---

## MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-167 terem, 11:00-13:15

Zsúri: Prof. Dr. Váradi András, Dr. Bodai László, Dr. Molnár Mónika

|             |   |
|-------------|---|
| 11:00-11:15 | <b>Alföldi Róbert</b> (SZTE TTIK): A Hsp27 fehérje védelmének a vizsgálata transzgenikus egerekben  |
| 11:15-11:30 | <b>Borsos Máté</b> (ELTE TTK): Foszforiláció hatása a magi transzportra: A leánysejtek öröksége   |
| 11:30-11:45 | <b>Csizmadia Tamás</b> (ELTE TTK): Az autofágia szerepe a <i>Drosophila</i> lárvális nyálmirigyének lebomlásában az egyedfejlődés során         |
| 11:45-12:00 | <b>Kádár Veronika</b> (BMGE VBK): Represszió - derepresszió elven működő molekuláris kapcsoló karakterizálása <i>Staphylococcus aureus</i> -ban |
| 12:00-12:30 | szünet  |
| 12:30-12:45 | <b>Kovács Dávid</b> (SZTE TTIK): Az acetiláció szerepe az SF-1 és a szteroid konverzió szabályozásában  |
| 12:45-13:00 | <b>Kovács Mátyás</b> (PE MK): A FliI fehérje klónozása, termeltetése és tisztítása  |
| 13:00-13:15 | <b>Steib Anita</b> (PTE TTK): A PACAP-szerű fehérjék hatása az <i>Eisenia fetida</i> agyregenerációjára   |

---



---

**ALFÖLDI RÓBERT**

Biológus

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Sántha Miklós*

*csoportvezető tudományos főmunkatárs, MTA SZBK Biokémia Intézet*

---

### **A Hsp27 fehérje védelmének a vizsgálata transzgenikus egerekben**

A hősokk-fehérjék funkciója igen sokrétű az emlős szervezetben. Meghatározó szerepet játszanak a sejtek életében normál körülmények között és stresszhatás alatt is. A hősokk-fehérjék szintézise megnövekszik, ha a sejteket stresszhatás éri, például hypoxia, oxidatív stressz, különböző toxinok, stb. A stresszválaszban játszott általános szerepük miatt a hősokk-fehérjéket gyakran stresszfehérjéknek is nevezik.

Munkánk során a Hsp27, hősokk-fehérje kardioprotektív, illetve neuroprotektív hatásának tanulmányozását tűztük ki célul *in vivo*, transzgenikus egerekben.

Kardiotoxikus ágensként a doxorubicint, valamint az aldosteront alkalmaztuk. A doxorubicin ismert tumor ellenes szer, amelyet elterjedten használnak a daganatterápiában. Kiterjedt alkalmazását a szívre gyakorolt káros hatása korlátozza. Az aldosteron tartósan megemelkedett szintje pedig szív- és érrendszeri károsodást idéz elő. Klinikai megfigyelések azt bizonyították, hogy a kórosan megemelkedett aldosteron szint a szív- és érrendszeri betegségben szenvedőknél kétszeresére növeli a halálozás kockázatát. Jelen kutatásainkban azt bizonyítottuk, hogy a doxorubicin, és az aldosteron szívre gyakorolt toxikus hatását a Hsp27 fehérje képes befolyásolni, illetve jelentősen csökkenteni.

A Hsp27 fehérje feltételezett neuroprotektív szerepét két kísérletben bizonyítottuk. Az első kísérletben vad típusú és transzgenikus egereket több héten keresztül 20% etanol tartalmú ivóvízzel itattuk. Kimutattuk, hogy a Hsp27 túltermelő transzgenikus egerek agyában szignifikánsan kevesebb neuron pusztult el, a vad típusú állatokhoz képest. A második kísérletsorozatban Hsp27 transzgenikus állatokat kereszteztünk olyan transzgenikus egerekkel, amelyek az Alzheimer-kór tüneteit mutatják (transzgenikus AD modell) és azt vizsgáltuk, hogy a Hsp27 túltermelése képes-e az Alzheimer-kórra jellemző tünetek kialakulását befolyásolni, azt számottevően lassítani illetve megakadályozni. Eredményeink azt mutatják, hogy a Hsp27 fehérjét túltermelő transzgenikus AD modell egerek agyában szignifikánsan kevesebb amyloid plakkk alakult ki és kevesebb neuron pusztult el az AD modellhez viszonyítva.

A kísérletek során a Hsp27 feltételezett kardio- valamint neuroprotektív hatását molekuláris biológiai eszközökkel, western blot analízissel, immunhisztokémiával, valamint TUNEL Assay-vel sikerült igazolnunk.

---

**BORSOS MÁTÉ**

Biológia

BSc, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Vértessy Beáta*

*tudományos tanácsadó, MTA TTK, Enzimológiai Intézet*

*Róna Gergely*

*PhD-hallgató, MTA TTK, Enzimológiai Intézet*

---

### **Foszforiláció hatása a magi transzportra: A leánysejtek öröksége**

Az eukarióta sejtek fennmaradásához, a sejtmagba irányuló aktív transzport folyamatok precíz szabályozása elengedhetetlen. Ilyen szabályozó mechanizmus például a NLS közeli foszforiláció, ami hatással lehet az adott fehérje lokalizációjára. A foszforiláció pontos helye és a kiváltott hatás (magi transzport serkentése/gátlása) közti összefüggés egyelőre nehezen fogalmazható meg. Egyes *cargo* fehérjék Ciklin dependens kináz 1 (CDK1) általi foszforilációjakor, sokszor a magi lokalizáció megszűnése tapasztalható, amire példa a dUTPáz sejtciklus függő lokalizációja, amit csoportunkban írtak le. Ezen, osztódáskor időzítetten lejártszódó foszforilációs eseménysor, felveti a leánysejtek proteomjának összetételét meghatározó szabályozás általános meglétét.

Munkám során olyan CDK1 szubsztrátokat kerestem amelyek NLS-e hasonlít a dUTPáz szignáljához. Különböző NLS foszforilációt mimikáló mutáns fluoreszcens konstrukciókkal igyekeztem felderíteni vajon található-e a foszforiláció helye és hatása között összefüggés emlős sejtvonalakon; azaz, kiterjeszhető-e a dUTPáz-on megismert séma más szubsztrátokra is.

Fehérjék oligomerizációja során a kialakuló komplexek több NLS-re is szert tehetnek, ami felveti a kérdést, hogy ha a komplex NLS-einek csak egy része módosul foszforilációval, akkor annak hatása milyen mértékben érvényesül. Ennek vizsgálatára emlős és rovar sejtekben, egy és három aktív NLS-t tartalmazó modell rendszert alkalmaztam, valamint az importinokkal való komplexálódást biofizikai módszerekkel, rekombináns úton előállított fehérjékkel igyekeztem jellemezni.

---

**CSIZMADIA TAMÁS**

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Lőw Péter*

*habilitált egyetemi docens, ELTE TTK*

---

**Az autofágia szerepe a *Drosophila* lárvális nyálmirigyének lebomlásában az egyedfejlődés során**

Az ecetmuslica (*Drosophila melanogaster*) lárvális szervei, köztük a nyálmirigy is a posztembrionális fejlődés során lebomlanak. Ezen szerv degradációjában az apoptózis mellett bizonyosan jelentős szerepet kap az autofágia, melynek hozzájárulása a sejtek pusztulásához még nem teljesen tisztázott. Mindkettő, mint katabolikus sejtélettani folyamatok a növekedéssel fordítottan szabályozódnak és együttesen vesznek részt a nyálmirigysejtek halálában. Munkám során részletesen foglalkoztam az autofágia szerepével a programozott sejtpusztulásban, melyet ecetmuslica lárvális nyálmirigyén vizsgáltam. Megfigyeléseimet GAL4/UAS rendszert tartalmazó muslica törzsön végeztem, mivel ezzel a konstrukcióval bármely gén a muslica bármely szövetében expresszáltatható. Így a GAL4 forrás csak a nyálmirigyben jelent meg, és ez hajtotta meg az autofágia specifikus Atg8-at, melyhez fluoreszcens fehérje volt kötve. Ehhez kereszteztem hozzá az autofágia különféle útvonalaiban mutáns törzsek egyedeit: a TSC1 az autofágiát szabályzó útvonalnak, az Atg1 és Atg6 pedig az autofág folyamatnak a kulcsfehérjéi. Normál esetben a nyálmirigy 17-19 órával a bábképződés után pusztult el, míg az Atg6, Atg1 és TSC1 deficiens egyedekben még 21-23 óra múltán is fellelhető volt. Fuzionáltatott fluoreszcens konstrukciót (apolinert) expresszáló törzs (Apo;rGo/TM6) segítségével pedig sikerült korai kaszpáz-aktivitást kimutatnom 13 órás bábból származó nyálmirigyben, amely az autofágia és az apoptózis szoros együttműködésére utaló jelenség. Az autofágia gének nyálmirigy-specifikus csendesítésével az autofágiát lecsökkentettem, a nyálmirigyek élettartamának növekedése, továbbá a korai kaszpáz-aktivitás pedig arra utal, hogy az autofágia mindenképpen részt vesz e szerv sejtjeinek eliminációjában.

---

**KÁDÁR VERONIKA**

Biomérnök

MSc, 4. félév

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem

Vegyésszmérnöki és Biomérnöki Kar

*Témavezető:*

*Dr. Németh Veronika*

*tudományos munkatárs, MTA TTK Enzimológiai Intézet*

---

### **Represszió - derepresszió elven működő molekuláris kapcsoló karakterizálása *Staphylococcus aureus*-ban**

A *Staphylococcus aureus* patogenicitási szigetei (SaPI) a baktérium fertőzőképességéért felelős géneket (toxin) kódolnak, szerepük a virulens gének terjesztése a baktérium populációk közt. A SaPI kifejeződését egy StI nevezetű fehérje gátolja. A Φ11 fág fertőzés következtében a fág dUTPáz fehérjéje kölcsönhatásba lép az StI fehérjével, ezáltal derepresszálja a SaPI DNS kifejeződését, amely elindítja a kivágás-replikáció-csomagolás ciklusát.

Munkám során a Φ11 fág dUTPáz és az StI fehérje tulajdonságait és a közöttük létrejött kölcsönhatás kialakulását különféle módszerek (spektrofotometria, fluorimetria, EMSA) felhasználásával jellemeztem. Mutáns enzimek alkalmazásával vizsgáltam a Φ11 fág dUTPáz két jellemző szerkezeti elemének – a C-terminális karnak és a fajspecifikus inzert motívumnak – szerepét a szubsztráttal illetve az StI-el való kötésben.

A katalitikus aktivitás mértéke a vad típusú és inzert mentes Φ11 dUTPáz esetében hasonló, továbbá jól egyezik a humán vagy mikobaktérium (*Mycobacterium tuberculosis*) dUTPázok aktivitási adataival. Az inzert jelenléte illetve hiánya sem a Φ11 dUTPáz által katalizált reakciót, sem az StI inhibíciót nem befolyásolja, a szubsztrát kötésben a C-terminális kar vesz részt.

A dUTPáz és az StI kölcsönhatását az StI feltételezett DNS kötőhelyének jelenlétében figyeltem meg, amely szerint a dUTPáz StI komplex kialakulásának hatására az StI leválik a DNS-ről, az inzert mentes dUTPáz esetében viszont az StI DNS kötés megmarad. Ezen eredmények alapján az inzert szerepét befolyásolja a DNS jelenléte a dUTPáz StI kölcsönhatás létrejötté során. A dUTPáz StI DNS komplex jellemzéshez további vizsgálatok szükségesek.

---

**KOVÁCS DÁVID**

Biológus MSc

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Boros Imre*

*tanszékegyetemi tanár, SZTE TTIK*

*Borsos Barbara*

*PhD-hallgató, SZTE TTIK*

---

### **Az acetiláció szerepe az SF-1 és a szteroid konverzió szabályozásában**

A szteroid hormonok szintézisét szövetspecifikusan expresszáldó citokróm P450 enzimek végzik. A bioszintézisben résztvevő enzimeknek közös transzkripció szabályozó faktora az SF-1 (*steroidogenic factor 1*) sejtmagi receptor, mely minden olyan szövetben jelen van, ahol szteroid hormonok termelődnek. Az SF-1 célgénjei közé tartozik az általunk vizsgált, CYP11A1 enzimet kódoló gén is, mely a szteroid hormonok bioszintézisének első lépését katalizálja. Az SF-1 működésének szabályozásában poszttranszlációs módosítások (acetiláció, foszforiláció és szumoiláció) és fehérje kölcsönható partnerek játszanak szerepet. Jelentős szerepe van az SF-1 acetilálásában a GCN5 hiszton acetiltranszferáz aktivitású fehérjének, mely az ATAC és SAGA hiszton acetiltranszferáz komplexek egyik katalitikus alegysége.

Munkánk során azt vizsgáltuk, hogy az acetiláció hogyan befolyásolja a szteroid konverzióban résztvevő gének működését. Korábban már kimutatták, hogy acetiláció hatására az SF-1 aktiválódik. Feltételeztük, hogy ezt követően a sejtmagba jutva indukálja a szteroid konverzióban résztvevő gének transzkripcióját. Vizsgáltuk, hogy az acetilációs szint növelése TSA – trichostatin A – hiszton deacetiláz inhibitor kezeléssel befolyásolja-e az SF-1 szubcelluláris lokalizációját és hatással van-e a transzaktivációs képességére. Célunk volt továbbá annak vizsgálata, hogy hogyan változik magának az SF-1 génnek és az általa szabályozott Cyp11a1 génnek az expressziója különböző hiszton deacetiláz gátló kezelések hatására.

A kísérletek során GCN5 inhibitor (HATi IV), illetve hiszton deacetiláz gátló kezeléseket (TSA, VPA, NaB) alkalmazva módosítottuk a sejtek acetilációs állapotát. Immuncitokémia segítségével megállapítottuk, hogy az SF-1-et nem termelő HeLa és U2Os sejtekben a túltermeltetett SF-1 fehérje TSA kezelés hatására főként a sejtmagban, míg HATi IV kezelés hatására a citoplazmában van jelen. Kísérleteink eredményei arra utalnak, hogy az acetiláció befolyásolja az SF-1 transzaktivációs képességét. Real-time PCR segítségével megállapítottuk, hogy az acetilációs szint növelése Y1 sejtekben befolyásolja a Cyp11a1 és az SF-1 génekről átiródó mRNA mennyiségét.

---

**KOVÁCS MÁTYÁS**

Biomérnöki BSc

BSc, 7. félév

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezető:**Dr. Vonderviszt Ferenc**egyetemi tanár, PE MIK*

---

**A FliI fehérje klónozása, termeltetése és tisztítása**

A baktériumok flagellumok segítségével mozognak, amelyek egy a sejtmembránban elhelyezkedő molekuláris motorból és a hozzá kapcsolódó helikális filamentumból állnak. A filamentum több ezer flagellinből és néhány egyéb fehérje alegységből áll, amelyek a citoplazmában szintetizálódnak és egy speciális exportrendszer segítségével a helikális filamentum belső csatornáján keresztül jutnak el a beépülési helyükre a filamentum végére.

Az exportrendszer kulcsfontosságú eleme a FliI ATPáz. Ez egy 49 kDa nagyságú fehérje, melynek N-terminális szegmense 110 aminosavból áll, ez felelős az egyéb flagelláris fehérjékkel való kölcsönhatásért, centrális régiója pedig ATPáz aktivitással rendelkezik. A FliI az ATP hidrolízise során felszabaduló energia segítségével végzi az exportálódó fehérjekomponensek kitekerését és bejuttatását az exportcsatornába.

A korábbi tisztítási eljárásoknál problémaként lépett fel a FliI aggregációja és érzékeny N-terminális régiójának elemésztoódése. Munkám során génszabási módszerekkel a glutation-S-transzferáz (GST) fehérjét a FliI N-terminális régiójához fúzionáltattam, így a GST megvédi a fehérje sérülékeny N-terminális részét és elősegíti annak feltekeredését, s mindezek mellett lehetővé teszi a fehérje affinitás kromatográfiás tisztítását glutation tartalmú oszlopon. A FliI és a GST közé a TEV proteáz enzim specifikus hasító helyét illesztettem, amelynek révén a GST toldalék a fúziós fehérje izolálása után proteolitikus emésztéssel egyszerűen eltávolítható. Feladatom volt még a GST-FliI fúziós fehérje nagy mennyiségű bakteriális termeltetése és tisztítása. Az így előállított FliI olyan vizsgálatok alapjául szolgálhat, amelyekkel tisztázhatjuk szerepét a flagelláris export-szubsztrátumok felismerésében és kijuttatásában.

---

**STEIB ANITA**

Biológus

MSc, 4. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Molnár László*

*habilitált egyetemi docens, PTE TTK*

---

### **A PACAP-szerű fehérjék hatása az *Eisenia fetida* agyregenerációjára**

Korábbi kutatások eredményei bizonyítják, hogy a hipofízis adenilát-cikláz aktiváló polipeptid (*pituitary adenylate cyclase activating polypeptide*, PACAP) befolyásolja az *Eisenia fetida* hasdúcláncának regenerációját. A gyűrűsférgek regenerálják kiirtott agydúcukat (az ún. agyat) is. Dolgozatunk célja annak vizsgálata, hogy a PACAP befolyásolja-e az agydúc regenerációját?

Agyirtás után a hasdúclánc ganglionjaiban és a garatkörüli konnektívumokban szignifikánsan emelkedett a PACAP koncentráció, ami arra utal, hogy a PACAP az idegsejt nyúlványokon keresztül szállítódik a regeneráció helyére. A regenerációs blasztémában akumulálódó neoblasztok specifikus PACAP-receptor (PAC1-receptor) expresszióját Western blot analízis és immuncitokémia reakciókkal bizonyítottuk.

A PACAP különböző specifikus antagonistáinak (PACAP6-10, PACAP6-15, PACAP6-27, PACAP6-38) az *E. fetida* agyregenerációjára gyakorolt hatását Western blot analízissel, hisztológiai és immunhisztológiai vizsgálatokkal elemeztük. Az agyirtást követő 24., 48. és 72. órában a specifikus antagonistákat a kísérleti egyedek 3. szelvényébe injektáltuk, majd a 7., 21. és 35. posztoperatív napon az állatokat további vizsgálatok céljából fixáltuk.

Kimutattuk, hogy a PACAP leghatásosabb antagonistája a PACAP6-27 és PACAP6-38. A PACAP6-27 nagy hatással volt a regenerálódó *E. fetida* egyedek regenerációs blasztémájában lejátszódó apoptotikus folyamatokra. A Caspase 3 apoptotikus marker proteinek csökkent expresszióját Western blot analízissel mutattuk ki.

A PACAP6-38 antagonistával kezelt egyedek regenerációs blasztémájának szöveti szerkezete szignifikáns különbségeket mutatott a kontroll csoporthoz viszonyítva. A GABAerg neuronok, a teljes neuropil és a kapilláris hálózat fejlődését a PACAP6-38 gátolta, az agydúc regenerációja lelassult. Eredményeink alapján megállapíthatjuk, hogy a PACAP jelentősen befolyásolja, serkenti az *E. fetida* agyregenerációját, és ez a hatás specifikus antagonistákkal gátolható.

---



---

## NEUROBIOLÓGIA I.

**2013. április 3., ETSZK „B” épület (Bal fasor), EB-101-8 terem, 9:00-12:00**

**Zsúri: Prof. Dr. Détári László, Prof. Dr. Szűcs Mária, Dr. Bjelik Annamária**

|             |  |
|-------------|--|
| 9:00-9:15   | <b>Barti Benjámín (ELTE TTK):</b> Hogyan állítsunk elő elektronmikroszkóppal is egyedileg vizsgálható gliasejteket?  |
| 9:15-9:30   | <b>Czotter Nikoletta (PTE TTK):</b> A PAC1 receptor izoformák expressziós arányának meghatározása és a PAC1 receptor immunreaktív struktúrák azonosítása fejlődő patkány retinában |
| 9:30-9:45   | <b>Csurgók Roland (PTE TTK):</b> Az adenosin receptorokon ható farmakonok hatásának vizsgálata az impulzivitás állatkísérletes modelljében patkányban                              |
| 9:45-10:00  | <b>Ferenc Katalin Terézia (ELTE TTK):</b> A RIN1 fehérje hatása a dendrittüskék plaszticitására  |
| 10:00-10:15 | <b>Liliom Hanna Laura (ELTE TTK):</b> A protein kináz D aktiváció szerepe az oxidatív stresszel kiváltott neuronális sejtpusztulás során   |
| 10:15-10:45 | szünet   |
| 10:45-11:00 | <b>Martos Diána (SZTE TTIK):</b> Dithranol által kiváltott szövetkárosító folyamatok <i>in vitro</i> modellezése   |
| 11:00-11:15 | <b>Nagy Attila Gergő (SZTE TTIK):</b> TRPC6 csatornák lokalizációja a hippocampális régióban   |
| 11:15-11:30 | <b>Pusztai Szilvia Anna (ELTE TTK):</b> A Caskin1 fehérje hatása a dendrittüskék morfológiájára  |
| 11:30-11:45 | <b>Szögi Titanilla Zita (SZTE TTIK):</b> Az új környezetben mutatott szorongás vizsgálata egereken: a buspiron hatása  |
| 11:45-12:00 | <b>Varga Zoltán Kristóf (SZIE ÁOTK):</b> Kannabinoidok hatása a magatartási stresszválaszra  |

---

---

**BARTI BENJÁMIN**

Biológia Bsc

BSc, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Kis Viktor*

*egyetemi tanársegéd, ELTE TTK*

---

### **Hogyan állítsunk elő elektronmikroszkóppal is egyedileg vizsgálható gliasejteket?**

Az idegrendszert két fő sejtípus építi fel: a sokat tanulmányozott idegsejtek, valamint a gliasejtek. Az érdeklődés középpontjában jelentőségüknek és speciális funkciójuknak köszönhetően hosszú idő óta az idegsejtek állnak. A közelmúlt kutatási eredményei alapján azonban bebizonyosodott, hogy a gliasejtek sem csupán az idegrendszer passzív résztvevői, meghatározó szerepük van annak működésében is. Részt vesznek a neuronok által termelt metabolitok reciklizációjában, a szinapszisok működésének szabályozásában, a vér-agy gát kialakításával pedig az idegrendszer védelmében.

Valószínű azonban, hogy korántsem ismert még a gliasejtek összes funkciója, sőt, előfordulhatnak eddig le sem írt gliatípusok is. Funkciójuk megismeréséhez nélkülözhetetlen, hogy tisztában legyünk ezen sejtek finomszerkezetével, ezért kutatásaink fókuszában egyedi gliasejtek elektronmikroszkópos vizsgálata állt. Modellállatnak az ecetmuslicát (*Drosophila melanogaster*) használtuk, mivel a törzsek kis helyen fenntarthatóak, fejlődésük gyors, idegrendszerük felépítése és génállományuk pedig az emberivel nagyfokú hasonlóságot mutat. Ebből kifolyólag a muslicából nyert információknak humán vonatkozásai is vannak.

Kísérletünkben többlépéses keresztezés-sorozattal létrehoztunk egy olyan transzgénikus muslicatörzset, melynek egyes gliasejtjeiben membránspecifikus torna-peroxidáz enzim fejeződik ki. Ezen állatok agyát kiboncoltam, lefixáltam, majd DAB-reakcióval a sejteket előhívtam. Az előhívást követően az egyedi gliasejtek teljes nyúlványrendszere láthatóvá vált. A mintákat műgyantába ágyaztam, ultravékony metszeteket készítettem belőlük, melyeket ezután elektronmikroszkópban vizsgáltunk.

---

**CZOTTER NIKOLETTA**

Biológus

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Dénes Viktória*

*egyetemi adjunktus, PTE TTK*

---

**A PAC1 receptor izoformák expressziós arányának meghatározása és a PAC1 receptor immunreaktív struktúrák azonosítása fejlődő patkány retinában**

Az adenilát cikláz aktiváló polipeptid (PACAP) mind a perifériás, mind a központi idegrendszerben széles körben előforduló és sokféle funkcióval rendelkező regulátor molekula. Hatását G protein kapcsolt PACAP receptorokon (VPAC1, VPAC2, PAC1) keresztül közvetíti. A PAC1 receptornak eddig 6 izoformáját azonosították (Null, Hop1, Hip, Hiphop1), melyek eltérő intracelluláris doménjüknek köszönhetően más hatásokat közvetítenek. Habár a PACAP és receptorainak jelenlétét a központi idegrendszerben számos módon vizsgálták és bizonyították, a PAC1 receptorok lokalizációja és expressziójuk alakulása a fejlődés során kevésbé kutatott terület. Kutatócsoportunk korábbi eredményei azt mutatják, hogy PAC1 receptor izoformák expressziója változik a retina fejlődése során. Ezen adatok alapján feltételezzük, hogy egy Hip-Hop1 izoforma váltás játszódik le 5 és 10 nap között a fejlődő retinában.

Kísérleteinkben célul tűztük ki, hogy az izoforma váltás pontos idejét, lefutását meghatározzuk és azonosítsuk a PAC1 receptort expresszáló struktúrákat a patkány retinában. A retinákat 5, 6, 7, 8, 9, 10 napos állatokból gyűjtöttük össze. A génexpressziós változást kvantitatív real-time PCR segítségével határoztuk meg. Az immuncitokémiai jelölésekhez anti-PAC1 receptor, anti-protein kináz C és anti-calbindin antitesteket használtunk.

A vizsgált időintervallumban a Hop1 receptor expressziójában csak a 9. és 10. nap között mértünk egy ugrásszerű növekedést. A Hip izoforma esetén egy erőteljes csökkenést detektáltunk a 6. és 10. nap között. A morfológiai vizsgálatok azt mutatják, hogy PAC1 receptor immunreaktivitást a pigment epitheliumban, a neuroblaszt/belső magvas réteg sejtjeiben, a belső rostos réteg nyúlványaiban és a ganglion sejtek rétegében detektáltunk az összes megvizsgált időpontban. Mivel a PAC1 immunreaktív elemek jelentősen nem változnak az posztnatális fejlődés 5.-10. napja között, feltételezhetjük, hogy az izoforma váltás, ugyanazon struktúrákon belül következik be, a 6. és 7. nap között. Mivel a Hip és Hop1 izoforma más jelátviteli útvonalakat aktivál, feltételezhető, hogy a receptor váltásnak köszönhetően a PACAP hatása is megváltozik a vizsgált időszakban. A Hop1 receptorhoz kapcsolódó szerteágazó jelátviteli útvonalaknak köszönhetően az általunk leírt izoforma-váltás funkcionális jelentőséggel bírhat a fejlődő patkány retinában.

---

**CSURGYÓK ROLAND**

Biológus

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Hernádi István  
egyetemi docens, PTE TTK*

---

**Az adenoszin receptorokon ható farmakonok hatásának vizsgálata az impulzivitás  
állatkísérletes modelljében patkányban**

Impulzivitás alatt több a viselkedésben megjelenő motoros és kognitív (választási impulzivitás, kockázattávallás) rendellenességet értünk. Az impulzív viselkedés számos pszichiátriai szindróma során (pl.: figyelemhiányos hiperaktivitási szindróma, mánia, függőség) tünetként jelentkezik, ami indokolja az iránta való jelentős tudományos érdeklődést. Hatását főként az adenoszin receptorok antagonizálásával fejti ki. Korábbi kísérleteink során bebizonyítottuk, hogy a koffein a szorongást és motoros impulzivitást növelő hatása ellenére dóziszfüggően csökkenti a választási impulzivitást patkányban. Célunk az adenoszin receptoroknak a koffein választási impulzivitást csökkentő hatásában betöltött szerepének részletesebb megismerése volt. A kísérletekhez hím Wistar patkányokat (n=27) használtunk, melyeknek az azonnali kicsi (1 drazsé) és a késleltetett nagy (4 drazsé) jutalom közül kellett választaniuk a késleltetett jutalom leértékelődési paradigmában. A kísérlet során i.p. injektáltuk az A1 receptor agonista N6-cyclohexyl-adenozint (CHA, 0.00313, 0.00625, 0.0125 mg/kg) vagy az A2A receptor agonista CGS21680-at (CGS, 0.01, 0.03, 0.1 mg/kg) koffeinnel (10, 25, 50 mg/kg) együtt és önmagukban. Mind két agonista önmagában, valamint koffeinnel együtt alkalmazva is csökkentette a motoros impulzivitást. A CHA egyedüli alkalmazása szignifikánsan csökkentette a választási impulzivitást, viszont a CGS önmagában nem volt hatással a választási impulzivitásra. Az A2A agonista CGS koffeinnel együtt adva dóziszfüggően erősítette annak hatását. Eredményeink arra engednek következtetni, hogy a koffein választási impulzivitást csökkentő hatásáért nem az A2A receptorokon kifejtett antagonistá hatás felelős. Valamint a koffein motoros aktiváló hatásának csökkentése, szintén elősegíti a választási impulzivitás csökkentését. Felvetődik még, hogy a koffeinnek az A2A receptorokról való részleges leszorítása (CGS alkalmazása) következtében a szorongáskeltő hatás is csökken, ezáltal javul a késleltetett jutalom választási aránya.

---

**FERENC KATALIN TERÉZIA**

Biológia

BSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Schlett Katalin*

*egyetemi docens, ELTE TTK*

---

### **A RIN1 fehérje hatása a dendrittüskék plaszticitására**

A központi idegrendszerben az egyes neuronok közötti szinapszisok használatfüggő átrendeződését szinaptikus plaszticitásnak nevezzük. A serkentő szinapszisok általában a dendrittüskéken végződnek, amelyek morfológiája és motilitása a szinaptikus kapcsolat erősségének függvényében változhat. A gyakran használt, megerősödött serkentő szinapszisokban a dendrittüskékre gomba alakú, kiszélesedett fej és közel állandó alak jellemző.

A RIN1 (Ras és Rab interactor 1) fehérje hiánya transzgenikus egerekben az averzív memória javulásához vezetett, amely a neuronális plaszticitás fokozódására utal. TDK munkám során arra keresem a választ, hogy a RIN1 fehérje milyen hatással van a dendrittüskék motilitására és stabilitására. Vizsgálataimat embrionális hippocampális idegsejttenyészeteken végeztem, amelyekben a fluoreszcensen jelölt RIN1 fehérjét, illetve a kontroll, EGFP fehérjét transzfekció segítségével túltermeltettem. A fluoreszcensen jelzett, élő idegsejtekről készült 20 perces képsorozatokon a dendrittüskék morfológiai változásának és motilitásának elemzésével megmutattam, hogy a RIN1 fehérje túltermeltetése a fonalas dendrittüskéket stabilizálta. Fixált sejtekről készült konfokális mikroszkópos képek vizsgálatával bizonyítottam, hogy a RIN1 fehérje túltermeltetése a posztzinaptikus denzitásra jellemző PSD95 állványfehérje lokalizációját is megváltoztatta. Mindez arra utal, hogy a RIN1 fehérje a tüskék érését és stabilizálódását elősegíti, de ezek használatfüggő átalakulását hátráltathatja.

---

**LILIOM HANNA LAURA**

Biológia

MSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Schlett Katalin*

*egyetemi docens, ELTE TTK*

---

**A protein kináz D aktiváció szerepe az oxidatív stresszel kiváltott neuronális  
sejtpusztulás során**

A protein kináz D (PKD) az agyban nagy mennyiségben termelődő szerin/treonin kináz, amely számos más sejtélettani hatás mellett a sejteket érő stresszhatások következtében aktiválódó jelátviteli folyamatokat is befolyásolhatja. Nem idegi sejteken végzett vizsgálatok szerint az oxidatív stressz esetén a mitokondriumokból származó oxigén szabadgyökök a PKD által irányított kaszkádrendszert aktiválják. Az idegsejtekben azonban az oxidatív stressz és a PKD aktiváció közötti összefüggésről még kevés adat áll rendelkezésre.

Munkám során az oxidatív stressz-okozta hatásokat modelleztem egér embrionális kortikális idegsejttenyészeteken. A PKD autofoszforilációs szintjének vizsgálatával kimutattam, hogy a  $H_2O_2$ -dal kiváltott oxidatív stressz hatására a PKD az idegsejtekben gyorsan aktiválódik. Életképességi tesztek felhasználásával megmutattam, hogy a PKD-ra szelektív gátlók a 24 órás oxidatív stresszt követő sejtpusztulás mértékét szignifikánsan csökkentik, vagyis a PKD aktivációja a vizsgált rendszerben neurotoxikus hatást közvetít. A PKD által irányított hatások mechanizmusának felderítését az NF $\kappa$ B transzkripciós faktor aktivitását jelző reporter-esszé alkalmazásával kezdtem meg.

---

**MARTOS DIÁNA**

Biológus

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Légrádi Ádám*

*egyetemi adjunktus, SZTE ÁOK*

---

### **Dithranol által kiváltott szövetkárosító folyamatok *in vitro* modellezése**

A dithranol (anthralin) a bőrgyógyászatban a pikkelysömör kezelésére használt gyűrűs szénhidrogén származék, amely a DNS-hez kötődik és gátolja a proliferatív hámsejtek osztódását. A szer a szövetekben jelentős mennyiségű szabadgyök felszabadulást okoz, ami szövetkárosodáshoz és a gyulladásos folyamatok elindításához vezet. Korábbi kísérleteinkben *in vivo* patkánymodellen kimutattuk, hogy a bőrfelszín dithranolos kezelése a *trigeminus* ganglionban lévő neuronok pusztulását, majd a mikroglia eredetű sejtek felszaporodását okozza. Célunk az volt, hogy sejtenyészetekben *in vitro* körülmények között gyulladásos folyamatokat modellezzünk és kimutassuk, hogy dithranol kezelés hatására a neuronok elpusztulnak és megnő a fagocitáló mikroglia száma. Munkánk során E18 patkány embriókból készített primer kortikális tenyészeteket kezeltünk különböző koncentrációjú dithranollal eltérő ideig. A mikroglia sejteket jelölő Iba1 fehérje, valamint az apoptotizáló sejteket jelölő kaszpáz-3 molekula expresszióját vizsgáltuk immuncitokémiai és kvantitatív Western analitikai módszerekkel. Az immuncitokémiai felvételeken látszott, hogy megnőtt a kaszpáz-3 pozitív apoptotizáló sejtek száma, míg a Western blot analíziskor kiderült, hogy az Iba1-et expresszáló mikroglia sejtek száma lecsökkent. Kísérleteink alapján megállapítottuk, hogy *in vitro* körülmények között a dithranol nemcsak a neuronokat, hanem a mikroglia sejteket is elpusztította.



---

**NAGY ATTILA GERGŐ**

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Hájos Norbert*

*laborvezető, MTA KOKI Hálózat-Idegélettan Kutatócsoport*

---

### **TRPC6 csatornák lokalizációja a hippocampális régióban**

A TRP (*transient receptor potential*) csatorna-család tagjai számos sejtélettani funkció ellátásában vesznek részt, többek közt szabályozzák az idegsejtek közti kommunikációt. Az idegélettani szerepük tisztázásához ismernünk kell a TRP csatornák pontos lokalizációját.

Munkánkban a TRPC alcsaládba tartozó TRPC6 nemszelektív kationcsatornák eloszlását vizsgáltuk felnőtt rágcsálók hippocampális régiójában. Immuncitokémiai módszerekkel festett metszetek fénymikroszkópos vizsgálata során erős TRPC6 expressziót figyeltünk meg a *gyrus dentatus* szemcsesejtjeinek dendritikus régiójában, és ezen idegsejtek axonjainak végződési zónájában, a *stratum lucidum*-ban, ill. számos GABAerg sejt dendritjében. Az antitest-antigén reakció specifikusságát *Trpc6* génkiütött egérből készült metszetek vizsgálatával igazoltuk. *Preembedding* immunarany festést alkalmazva a metszetek elektronmikroszkópos vizsgálatával megállapítottuk, hogy a TRPC6 csatornák szubcelluláris eloszlásukat tekintve elsősorban a szemcsesejtek dendritjeinek membránjában találhatók. A szemcsesejtek dendrittüskéinek részletes elektronmikroszkópos vizsgálata során meghatároztuk, hogy az immunjelek nagyobbik részének térbeli eloszlása egyenletes a poszt-szinaptikus denzitás körül a tüskék felszínén, míg az immunjelek körülbelül 15%-a közvetlenül a poszt-szinaptikus denzitás szélén helyezkedik el, részét képezve a periszinaptikus gyűrűnek. Továbbá tisztáztuk, hogy a szemcsesejtek axonjaiban a TRPC6 csatornák mind az axonmembránban, mind az intracelluláris ciszternák membránjában fellelhetők. Kettős immunfluoreszcens festéssel igazoltuk, hogy a TRPC6 fehérjét egyrészt a hilusban, ill. a *stratum oriens*-ben lokalizálódó  $mGlu_{1a}$  metabotrópos glutamát receptorokat kifejező gátlósejtek expresszálják, másrészt olyan hippocampális interneuronok, amelyekben egy  $Ca^{2+}$  kötő fehérje, a parvalbumin is megtalálható. Tisztáztuk, hogy a TRPC6 csatornák szintén az interneuronok dendritjeinek membránjában lokalizálódnak.

Vizsgálatainkból összességében megállapítható, hogy a TRPC6 csatornák megfelelő pozíciót foglalnak el ahhoz, hogy a hippocampális régió triszinaptikus körébe az entorhinális kéregből érkező információ feldolgozását befolyásolják, valamint, hogy mind a visszacsatoló, mind az előrecsatoló gátló neuronkörök aktivitását irányítsák, módosítsák a hippocampusban.

---

**PUSZTAI SZILVIA ANNA**

Biológia

BSc, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Schlett Katalin*

*egyetemi docens, ELTE TTK*

---

### **A Caskin1 fehérje hatása a dendrittüskék morfológiájára**

A serkentő agyi szinapszisok többsége dendrittüskéken végződik. A dendrittüskék három típusát különböztetjük meg: a még kapcsolatkereső, hosszú „fonalas”, az érett szinapszisokra jellemző, stabil „gomba”, illetve a rövid, „zömök” tüskéket. Különböző stimulusok hatására a dendrittüskék morfológiája megváltozhat – mindez szoros kapcsolatban áll a szinaptikus plaszticitással, ezáltal a tanulási folyamatokkal és a hosszú távú memória kialakulásával is.

A Caskin1 (Cask-interaktív1 fehérje) csak a neuronokban fejeződik ki és a poszt-szinaptikus denzitásban (PSD) is expresszálódik. A Caskin1 szerkezetét tekintve „scaffold”, azaz állványfehérje, N-terminálisán számos fehérje-fehérje interakciós doménnel rendelkezik, C-terminálisa pedig rendezetlen szerkezetű. Molekuláris kapcsolóként működhet, de a PSD ultrastruktúrájának kialakításában betöltött szerepe pontosan még nem ismert.

TDK munkám során a Caskin1 fehérje dendrittüskék morfológiájára gyakorolt hatását vizsgáltam egér hippocampális idegsejteken. A Caskin1 fehérjét transzfekció segítségével túlermeltettem az idegsejteken. A kotranszfectált EGFP fluoreszcencia alapján konfokális felvételeken elemeztem a dendrittüskék alakját. Eredményeim alapján a Caskin1 mennyiségének növelése a gomba típusú, érett tüskék arányának fokozódásához vezetett. A Caskin1 a dendrittüskék morfológiabeli változásában azáltal játszhat szerepet, hogy a sejtfelszíni receptorok és az aktin-citoszkeleton között közvetíthet.

---

**SZÖGI TITANILLA ZITA**

Biológus MSc

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Szegedi Viktor*

*tudományos munkatárs, MTA SZBK*

---

### **Az új környezetben mutatott szorongás vizsgálata egereken: a buspiron hatása**

A szorongásos kórképek kialakulásának oka a félelemre adott válaszok szabályozásáért felelős rendszerek diszfunkciója. A túlzott félelmi válaszok patológiás szorongáshoz vezethetnek, melynek oka lehet az alkalmazkodást elősegítő idegi folyamatok károsodása, hibás működése. Laborunkban kétirányú beltenyésztéssel létrehozott magas (AX) és alacsony (nAX) szorongási reakciót mutató egerek új környezetben mutatott viselkedési válaszait vizsgáltuk emelt keresztpalló tesztben (EPM) nyolc egymást követő napon. Az AX egerek nyitott kar felfedezési szintje nem változott a teszt során, de az nAX egerek kezdeti magasabb nyílt karokban töltött ideje a nyolc napon át tartó teszt során folyamatosan csökkent, melyet okozhatott a szorongás növekedése, vagy a nyitott karokba való belépési motiváció csökkenése félelem kialakulása nélkül. Egy újabb kísérletsorozatban az EPM apparátus környezetét a harmadik napon megváltoztattuk, mely hatására az nAX állatok nyitott karokba történő belépéseinek szintje visszatért, míg az AX egerek megnövekedett szorongási szinttel reagáltak. A klinikumban használt szorongásoldó (buspiron) krónikus, hosszú távú (2,5 mg/ttkg és 5 mg/ttkg, intraperitoneális, négy hétig tartó injektálás) hatását vizsgáltuk az AX és nAX egereken. Az AX egerek az új környezetben a buspiron 2,5 mg/ttkg dózisú krónikus kezelés esetében aktív megbirkózási stratégiát alkalmaztak, ezzel ellentétben az nAX egerek passzívan reagáltak a kontextus váltásra. Eredményeink megmutatják, hogy a két állattörzs eltérő megküzdési stratégiát (aktív vagy passzív) alkalmaz az új környezetben, melyet szorongásoldóval történő kezeléssel megváltoztathatunk.

---

**VARGA ZOLTÁN KRISTÓF**

Biológia

BSc, 5. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Haller József*

*osztályvezető, tudományos tanácsadó, MTA KOKI Magatartásneurobiológiai Osztály*

---

### **Kannabinoidok hatása a magatartási stressz-válaszra**

Korábbi eredmények igazolták, hogy a hipotalamusz–hipofízis–mellékvesekéreg tengely (HPA-tengely) működése nagymértékben az endokannabinoid rendszer befolyása alatt áll. Az anandamid nevű endokannabinoid metabolizmusának gátlása megnövelte a bazális kortikoszteron koncentrációt, míg a stressz-indukált kortikoszteron szintet csökkentette. Munkánk során az eddig kevésbé kutatott másik fő endokannabinoid, a 2-arachidonoilglicerolt (2-AG) elbontó monoacilglicerol lipáz (MAGL) JZL184-indukált specifikus gátlásának hatásait vizsgáltuk a bazális és a stressz-indukált kortikoszteron szintekre hím CD1 egerekben. Eredményeink szerint a MAGL gátlás drasztikusan növelte a bazális koncentrációt, a stressz-indukált szintet pedig változatlanul hagyta. Mivel a kortikoszteron koncentráció akut változásai befolyással lehetnek a magatartásra, JZL184 és a kortikoszteron szintézisét blokkoló metirapon kezelések kombinált alkalmazásával kívántuk feltárni a MAGL gátlás magatartási hatásainak kortikoszteron függését a nyílt-tér és a megemelt keresztpalló tesztekben. Eredményeink alapján a kortikoszteron szintézis-gátlás kivédte a MAGL gátlás szorongásoldó hatásainak egy részét, míg annak lokomotoros aktivitást fokozó hatásait nem befolyásolta. Összefoglalva tehát a MAGL specifikus gátlása drasztikusan emelte a bazális kortikoszteron koncentrációt, a stressz-indukált szintet érintetlenül hagyva, emellett kortikoszteron független módon emelte a lokomotoros aktivitást, valamit részben kortikoszteron-függő, részben független módon csökkentette a szorongást.

---

## NEUROBIOLÓGIA II.

2013. április 3., ETSZK „B” épület (Bal fasor), EB-003-8 terem, 8:00-11:15

Zsúri: Prof. Dr. Fekete Éva, Dr. Schlett Katalin, Gellért Levente

|             |  |
|-------------|--|
| 8:00-8:15   | <b>Berekméri Eszter</b> (SZIE ÁOTK): Egyedi sejtek electroporációs töltése $\text{Ca}^{2+}$ - érzékeny festékekkel halló egerek Corti-szervének funkcionális imaging vizsgálatához |
| 8:15-8:30   | <b>Bognár Anna</b> (SZTE TTIK): Audiovizuális integráció a magno- és parvocelluláris pályán  |
| 8:30-8:45   | <b>Fülöp Anikó</b> (ELTE TTK): A GAD67 hiányos PV+ idegsejtekkel rendelkező genetikailag módosított egér mint neurológiai és pszichiátriai betegségmodell                          |
| 8:45-9:00   | <b>Karsai Gergely</b> (PTE TTK): Neurogenetika, mint a neurobiológiai kutatások új iránya: peptiderg neuron-hálózatok vizsgálata transzgenikusan módosított ecetmuslicában         |
| 9:00-9:15   | <b>László Zsófia</b> (ELTE TTK): Az alfa-béta hidroláz 4 (Abhd4) eloszlása és szerepe az agykéreg fejlődése során  |
| 9:15-9:30   | <b>Oláh Gáspár</b> (SZTE TTIK): Az agykérgi kúszó depolarizáció és kapcsolódó vér-agy gát permeabilitás változás modulálása NMDA receptor antagonistákkal                          |
| 9:30-10:00  | szünet   |
| 10:00-10:15 | <b>Szabó Bence Farkas</b> (PTE TTK): A hipofízis adenilát-cikláz aktiváló peptid receptor (PAC1-R) által regulált gének azonosítása újszülött patkány retinában                    |
| 10:15-10:30 | <b>Szilvássy-Szabó Anett, Rabi Fruzsina Andrea</b> (ELTE TTK): A GnRH neuronok kapcsolata kisspeptin sejtekkel – immunhisztokémiai vizsgálat nőtény egerek két agyterületén        |
| 10:30-10:45 | <b>Todorov Mihail Ivilinov</b> (ELTE TTK): A retina és a vizuális kéreg közötti inger-indukált csatlótság változása az inger paramétereinek függvényében                           |
| 10:45-11:00 | <b>Várhelyi Zoltán Pál</b> (SZTE TTIK): Melanómasejtek transzmigrációs útvonalainak vizsgálata <i>in-vitro</i> vér-agy gát modellen  |
| 11:00-11:15 | <b>Zsedényi Csilla Karina</b> (SZIE ÁOTK): Szintetikus cathinonok ("designer drogok") hatása a tanulásra és a korai neurogenezisre   |

---

---

**BEREKMÉRI ESZTER**

biológia

BSc, 5. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Zelles Tibor**egyetemi docens, SE ÁOK*

---

**Egyedi sejtek electroporációs töltése  $\text{Ca}^{2+}$  - érzékeny festékekkel halló egerek Corti-szervének funkcionális imaging vizsgálatához**

A leggyakoribb emberi szenzoros deficit a hallószervet érintő károsodás. Ennek irreverzibilis, jelenleg gyógyszeresen nem gyógyítható formáját adják a szenzorneurális halláskárosodások (SNHL). Ebben az esetben a belsőfülben (a cochleában), vagy az idegi vezetésben, feldolgozásban következik be az elváltozás. Patofiziológiai ismereteink bővülése előfeltétele a hatékony terápia kifejlesztésének. Ennek érdekében foglalkoztunk egy, a Corti-szerv sejt szintű mechanizmusainak funkcionális imaging vizsgálatát megkönnyítő, electroporációs festési módszer beállításával.

Az általunk használt hemicochlea preparátum alkalmazásával a lehetőségünk nyílik rá, hogy az eddigi vizsgálatokban szereplő, még nem halló egerekből nyert és ezért elsődlegesen fejlődésbiológiai kérdések vizsgálatára alkalmas preparátumok adta lehetőségeket meghaladva, már kifejlett Corti-szervvel rendelkező egerekkel dolgozzunk. A hemicochlea preparátumokat 15-27 napos egerek cochleájának kettévágásával készítettük. A Corti-szerv epifluoreszcens mikroszkópban kiválasztott és beazonosított sejtjeit mikro-manipulátor vezette, fluoreszcens jelzőfestékekkel töltött üvegpipettával megérintettük, majd a festéket áraminjekcióval a sejtbe lőttük. Az electroporáció pórusokat nyit a sejt-membránon, és a sejt képessé válik a festék (estetünkben a  $\text{Ca}^{2+}$  érzékeny Oregon Green BAPTA-1 és Fura2) felvételére. A kísérletek során meghatároztuk az optimális festékkoncentrációt (1mM), áramerősséget (10 $\mu\text{A}$ ), áramimpulzus szélességet (10ms), pipetta-paramétereket (4-6M $\Omega$ ). Módszerünkkel a Corti-szerv érzék- és támasztósejtjeit is töltetni tudjuk, egy preparátumban akár 4-6 db sejtet is. A szelektív töltésnek köszönhetően (a háttér nem festődik) a jel-zaj arány sokkal jobb, mint a laborunkban eddig alkalmazott töltési módszer esetében. Validálásaként a megtöltött sejtekben 50 - 100  $\mu\text{M}$  ATP által kiváltott  $\text{Ca}^{2+}$  tranzienseket mértünk funkcionális *imaging* módszerrel. A Corti-szerv sejtjei, különböző eloszlásban, de mind rendelkeznek purinerg receptorokkal (P2X és P2Y), amelyek második hírvivőként  $\text{Ca}^{2+}$ -ot is használnak.

Kísérleteink során először alkalmaztuk electroporációs módszert kifejlett Corti-szerv sejtjeinek megtöltésére, és ezen módszer alkalmazásával később lehetőségünk lesz a SNHL-ok sejt szintű patomechanizmusát vizsgálni vad és emberi halláskárosodás modelljeként szolgáló genetikailag módosított egerekben is.

---

**BOGNÁR ANNA**

Biológus MSc

MSc, 8. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Sárosi Gyula*

*egyetemi docens, SZTE ÁOK*

---

### **Audiovizuális integráció a magno- és parvocelluláris pályán**

Pszichofizikai kísérletünkben a multiszenzoros integrációt vizsgáltuk a *double flash* illúzió kísérleti paradigma használatával, amelyben rövid ideig tartó egyszerű felvillanással és párhuzamosan leadott két rövid hangingerrel egy újabb villanás illúzióját keltethetjük. E mellett a *flash fusion* illúziót is vizsgáltuk, mely két, rövid ideig tartó egyszerű felvillanással párhuzamosan bemutatott rövid hangingerrel az egyik felvillanás hiányának illúzióját keltheti.

Kísérletünk célja volt megállapítani az audiovizuális információk ilyen jellegű integrációjának a hátterét. Stimulusainkat úgy alkottuk meg, hogy szelektíven ingereljük a vizuális rendszer két nagy feldolgozó pályáját. A magnocelluláris pályát alacsony kontrasztú stimulusokkal ingereltük szelektíven, míg a parvocelluláris pálya ingerlésekor izolumináns stimulusokat alkalmaztunk. Magas kontrasztú stimulusokat használtunk a két pálya egyidejű ingerlésére. A különböző fotoreceptorok más-más arányban és minőségben járulnak hozzá a pályák működéséhez. Mivel a csapok és pálcikák retinális eloszlása nem egyenletes, ezért centrális és perifériás kondíciókat is alkalmaztunk.

A *double flash* illúzió megjelenését különböző mértékben, de minden kondícióban tapasztaltuk. A periférián bemutatott stimulusok detektálása az irodalomban leírtakkal ellentétben, jobb volt. Ez a különbség az általunk használt nagyméretű stimulus jó detektálhatóságából fakadhat, szemben az irodalomban jellemzően használt, kis méretű, kevésbé jól detektálható stimulusokkal. Centrális stimulus esetén az érzékenység alacsonyabb volt. Legalacsonyabb érzékenységet az izolumináns centrális stimulus bemutatása esetén tapasztaltunk, ahol így igen erős, korábban nem tapasztalt fúziós jelenség mutatkozott.

Kísérleti eredményeink alapján feltételezhető, hogy a vizsgált illúziók kialakításában eltérő módon, jellemző működéseiknek megfelelően, mindkét vizuális pálya részt vesz.



---

**FÜLÖP ANIKÓ**

Biológia Bsc

BSc, 9. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Szabó Gábor*

*osztály- és csoportvezető kutató, MTA KOKI Orvosi Géntechnológiai Részleg*

---

### **A GAD67 hiányos PV+ idegsejtekkel rendelkező genetikailag módosított egér, mint neurológiai és pszichiátriai betegségmodell**

A GABAerg interneuronoknak kitüntetett szerepük van az általuk közvetített gátláson keresztül az idegi hálózatok aktivitásának finomhangolásában. A GABAerg rendszer működési zavara olyan súlyos idegrendszeri betegségek kialakulásában lehet fontos, mint az epilepszia, depresszió, szorongás, skizofrénia, vagy cerebelláris ataxia, bár a pontos patomechanizmus nem ismert. Ennek feltárását segítheti olyan egérmodellek előállítása és jellemzése, amelyek interneuronjaiban célzottan, genetikai módosítással inaktiváljuk a GABA-szintetizáló enzimet, így jelentősen csökkentjük a GABA szintet. Skizofréniában a legjellemzőbb molekuláris elváltozás a GABA-szintetizáló enzim, a GAD67 csökkent szintje, főleg a dorzo-laterális prefrontális kéreg parvalbumin tartalmú idegsejtjeiben. A GAD67 hiány következménye lehet a csökkent gátlás, ami befolyásolhatja az agykérgi neuronális hálózatok szinkronizált működését, és a kórképre jellemző kognitív zavarok kialakulásához vezethet. A PV+ interneuronok által közvetített gátlás zavara oki tényező lehet számos egyéb idegrendszeri betegségben. Ennek modellezésére egy olyan genetikailag módosított egeret állítottunk elő, amelyikben a PV+ idegsejtekben inaktiváltuk a GAD67 gént. Ehhez a „floxolt” GAD67 gént hordozó egeret egy a Cre-rekombinázt a PV+ idegsejtekben szintetizáló egérrel kereszteztük, így létrehoztunk egy PV+ idegsejt specifikus GAD67 „knockout” egeret. *In situ* hibridizációs- és immunhisztokémiai vizsgálatokkal kimutattuk, hogy 2 hónapos korra a mutáns egerekben számos agyterületen jelentősen csökken a GAD67-et tartalmazó PV+ idegsejtek száma, de a PV expresszió változatlan marad. Ez az elváltozás teljes a talamusz retikuláris magcsoportjában, nagyfokú a kisagyban, emellett a frontális agykéreg körülhatárolt régióit és a hippocampuszt is érinti. QPCR- és Western blott-technikával is igazoltuk, hogy a GAD67 szintje a kisagyban nagymértékben, az agykéregben és hippocampuszban kisebb mértékben csökken. A 2 hónaposnál idősebb PV+/GAD67 KO egerekre olyan viselkedési zavarok jellemzőek, mint a cerebelláris ataxia, a motoros koordinációs zavarok és a szorongásos tünetek. A mutáns állatok gyakori görcsrohamoktól is szenvednek. Emellett a PV+/GAD67- egerek élettartama és testtömege is csökken a kontrollokéhoz viszonyítva. Eredményeinket összefoglalva megállapíthatjuk, hogy a GAD67 hiánya a PV+ idegsejtekben olyan súlyos mentális és neurológiai betegségek tüneteit modellezheti, mint a skizofrénia, epilepszia és cerebelláris ataxia.

---

**Neurogenetika, mint a neurobiológiai kutatások új iránya: peptiderg neuron-hálózatok vizsgálata transzgenikusan módosított ecetmuslicában**

A neuropeptidek számos élettani és viselkedési folyamat modulátoraiként ma már nem csak széleskörűen kifejtett szabályozó szerepük miatt állnak a figyelem középpontjában, hanem ma már azt is vizsgálják, milyen hatást gyakorol maga a központi idegrendszer a neuropeptiderg sejtekre. Ehhez egyes azonosított peptiderg neuronok kimeneteinek és bemeneteinek feltárása szükséges. Ezeknek a vizsgálatoknak genetikai és neuroanatómiai szempontból is jól ismert modellszervezete az ecetmuslica (*D. melanogaster*).

Vizsgálatainkat a *Drosophila* rák szív működést serkentő petid (CCAP) tartalmú struktúráin végeztük. Korábbi irodalmi adatok alapján ismert a peptid eloszlása a muslica harmadik stádiumos lárvájának (L3) hasdúcláncában. Az eddigi leírások minősége miatt megalapozottnak láttuk a CCAP-termelő rendszer pontosabb leírását, és vizsgálatainkat kiterjesztettük a teljes központi idegrendszerre.

Az elérhető antiszérumok gyenge minősége miatt az irodalomban leírt módon a CCAP-tartalmú sejtek jelölését egy sejtidegen anyag bejuttatásával és követésével oldottuk meg. A genetikából ismeretes *enhancer trapping* módszer segítségével a CCAP-termelő sejtekkel cd8 sejtadhéziós fehérjéhez kötve zölden fluoreszkáló fehérjét (GFP) fejeztetünk ki, ami jól jelölte a CCAP-termelő struktúrák teljes felszínét.

Korábbi irodalmi adatok alapján tudjuk, hogy a CCAP-neuronok a hasdúclánc területén megjelenésük és morfológiájuk alapján is több csoportra oszthatók, azonban a fénymikroszkópia felbontási határa és az átfedő struktúrák nagy száma miatt nem volt lehetőség arra, hogy az egyes sejtek morfológiáját feltárjuk. Ahhoz viszont, hogy a rendszer ki- és bemeneti régióit azonosíthassuk, ismernünk kell a rendszert alkotó struktúrák pontos lefutását. Egy nemrég elérhetővé vált genetikai eszköz, a *flip-out* technika segítségével kidolgoztuk, hogyan lehet cd8. GFP fúziós fehérjét csak egy sejtben kifejeztetni. Ezáltal feloldható a teljes CCAP-rendszer és a sejtek morfológiáját és egymáshoz való viszonyát konfokális mikroszkópos 3D modellek segítségével szemléltethetjük.

Jelenleg a ki- és bemeneti felszínek azonosítására alkalmas szinaptikus markereket nem tudjuk csak egy sejtben kifejeztetni. A 3D modellek segítenek a teljes rendszer részegységeit egy-egy sejtbe kötni, ezáltal a sejt-kommunikáció lehetséges irányát megszabó szinaptikus felszínek eloszlása sejtszinten vizsgálhatóvá válik. Ezek alapján nem kizárható, hogy az INagy-2 neuron a hasdúcláncban szinkronizáló szerepet játszik.

---

**LÁSZLÓ ZSÓFIA**

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Katona István**tudományos tanácsadó, MTA KOKI Molekuláris Neurobiológia Kutatócsoport**Dr. Lele Zsolt**tudományos főmunkatárs, MTA KOKI Molekuláris Neurobiológia Kutatócsoport*

---

**Az alfa-béta hidroláz 4 (Abhd4) eloszlása és szerepe az agykéreg fejlődése során**

Az anandamid az elsőként felfedezett endokannabinoid molekula, amely számos élettani és kórélettani folyamatban játszik fontos szerepet. Ennek ellenére máig nem ismert, hogy milyen biokémiai útvonalakon és milyen élettani jelek hatására keletkezik az idegrendszerben. Az egyik potenciális szintézis útvonal résztvevője az eddig szinte ismeretlen Abhd4 szerin-hidroláz lehet. Ezért először célul tűztük ki az Abhd4 expresszió tér- és időbeli eloszlásának felderítését egér előagyban anatómiai módszerekkel, majd a kapott eredményekből származó, az enzim funkciójára vonatkozó hipotézist teszteltük *in utero* elektroporáció módszerét alkalmazva.

Az Abhd4 mRNS eloszlását *in situ* hibridizációs technikával vizsgáltam és az Abhd4 antiszenszribopróba specificitását Abhd4<sup>-/-</sup> „knockout” egerekből származó mintákon validáltam. Megállapítottam, hogy már az embrionális fejlődés 14. (E14) napján specifikus Abhd4 expresszió figyelhető meg az előagy I-II. és III. kamrájának ventrikuláris zónájában. Az átmeneti zónában és a kortikális lemezben Abhd4 mRNS-t nem detektáltam, míg az osztódó prekurzorokban megfigyelhető expresszió a születés után fokozatosan eltűnt. Erre a megfigyelésre alapozva *in utero* elektroporáció segítségével megvizsgáltam, hogy mi a következménye, ha meggátolom az Abhd4 gén kikapcsolását a radiális migrációt kezdő sejtekben. Azt tapasztaltam, hogy az ektopikus Abhd4-et és EGFP-t termelő neuronok lekerekednek és a szubventrikuláris/átmeneti zónában maradnak. Ezzel szemben sem a kontrollként elkészített, inaktív hidroláz domént tartalmazó pontmutáns Abhd4, sem az EGFP önmagában nem befolyásolta a multipoláris neuroblasztok vándorlását az agykéreg II-III. rétegébe. Az Abhd4-gyel elektroporált területeken a sejthalált jelző, TUNEL pozitív sejtek száma megnőtt, ami valószínűsíti, hogy a migrációs defektusban szenvedő sejtek szelektíven eliminálódnak. Az Abhd4<sup>-/-</sup> „knockout” állatok agykérgében ugyanakkor kvalitatív vagy kvantitatív eltéréseket eddig nem tapasztaltunk a vad típusú testvérállatok agykérgéhez képest.

Kísérleteink feltárták, hogy az Abhd4 a kamrafal germinatív zónáiban expresszálódik. Itt olyan készenléti funkciót tölthet be, amelynek szerepe lehet az osztódásból származó utódsejtek minőség-ellenőrzés utáni eliminációjában, ezért kikapcsolása elengedhetetlen a programozott sejthalál elkerüléséhez a neuroblasztok radiális migrációjának kezdetén.

---

**OLÁH GÁSPÁR**

Biológus MSc

MSc, 8. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Toldi József**tanszékvezető egyetemi tanár, SZTE TTIK*

---

**Az agykérgi kúszó depolarizáció és kapcsolódó vér-agy gát permeabilitás változás  
modulálása NMDA receptor antagonistákkal**

Az agykérgi kúszó depolarizáció (CSD) egy tranziens zavar a neuronok és glia sejtek ion homeosztázisában, mely 2-3 mm/min sebességgel terjed a kéregben. A glutamát (Glu) és receptorai közül az N-metil-D-aszparát (NMDA) receptor kulcsszerepet játszik a CSD kialakulásában és terjedésében. A jelenség hatással van az agyi mikrokerin-  
gésre és a vér-agy gát permeabilitására. A CSD számos patológias folyamat kísérő je-  
lensége vagy épp iniciátora lehet (pl.: aurás migrénes roham, stroke, traumás agyi sérü-  
lés stb). Kísérleteink során arra kerestük a választ, hogy a perifériásan adott endogén  
NMDA receptor antagonista kinurénsav (KYNA) képes-e modulálni a folyamatot. Pozí-  
tív kontrollnak a dizocilpin kezelést alkalmaztuk, mely teljesen meggátolja a jelenség  
kialakulását. Állatainkat 3 csoportba osztottuk (n=5). 1. csoport: vivőanyag (kontroll);  
2. csoport: 300 mg/ttkg kinurénsav (KYNA); 3. csoport: 2 mg/ttkg dizocilpin (MK-801)  
kezelésben részesültek a mérés megkezdése előtt 30 perccel. Mindkét farmakont intra-  
peritoneális injekció formájában jutattuk az állatokba. A CSD-t 1M-os KCl oldattal áti-  
tatott vattacsomó kéregre helyezésével váltottuk ki. A DC-elektrokortikogramot 1  
órán keresztül regisztráltuk, majd a megjelenő hullámok négy fő paraméterét hasonlítot-  
tuk össze a csoportok között: 1) az egy óra alatt megjelenő CSD hullámok számát; 2) a  
hullámok amplitúdóját; 3) hullámok szélességét, melyet a fél amplitúdóhoz tartozó idő-  
ben határoztunk meg; 4) a hullámok által lefedett területet. Hisztológiai vizsgálataink-  
hoz Evans blue (EB) festéket és fluoreszcens mikroszkópiát használunk, majd eredmé-  
nyeinket digitális képfeldolgozási eljárásokkal kvantifikáltuk. A KYNA kezelés szigni-  
fikánsan csökkentette az egy óra alatt megjelenő CSD-k számát, a hullámok szélességét,  
továbbá az általuk lefedett területet. A hullámok amplitúdójában nem tapasztaltunk vál-  
tozást a kezelés hatására. A dizocilpin kezelés teljesen megakadályozta a hullámok kia-  
lakulását. Továbbá megállapítottuk, hogy a KYNA kezelés képes volt a plazma extrava-  
záció hatására jelentkező EB fluoresszcenciát távolság-függő módon befolyásolni, míg a  
dizocilpin az EB extravazációját a KCl-al nem kezelt hemiszféra értékeinek közelében  
tartotta. Eredményeink rámutatnak arra a lehetőségre, hogy NMDA receptor antagoni-  
sták hatásosak lehetnek az aurás migrén kezelésében, és egyéb patológias körülmények  
okozta potenciális funkciózavarok kivédésében.

---

**SZABÓ BENCE FARKAS**

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Dénes Viktória  
egyetemi adjunktus, PTE TTK*

---

**A hipofízis adenilát-cikláz aktiváló peptid receptor (PAC1-R) által regulált gének azonosítása újszülött patkány retinában**

A hipofízis adenilát-cikláz aktiváló peptid (PACAP) egy japán-amerikai kutatócsoport fedezte fel 1989-ben. A felfedezést követő vizsgálatok kiderítették, hogy a PACAP hormonként, neurotranszmitterként és neuroprotektív molekulaként is funkcionál az élő szervezetben. Az idegrendszer ontogenezise során betöltött szerepe vitathatatlan mind a pre- és posztnatális időszakban. A PACAP által szabályozott folyamatok közé tartozik a progenitor sejtek proliferációja, az apoptózis és az arborizáció fokozása. Hatásait három PACAP receptor közvetíti: PAC1, VPAC1, VPAC2. Retinára vonatkozó adatok hiányossága miatt célkitűzésünk az volt, hogy fényt derítsünk a PAC1 receptorok korai posztnatális retina fejlődésében betöltött szerepére, azonosítsuk a PAC1 receptor által szabályozott géneket és megfigyeljük a PAC1 receptorok blokkolása következtében kialakult morfológiai változásokat.

Egy napos Wistar patkányok szemébe intravitreálisan vagy 2,5 nmol PAC1 receptor antagonistát (PACAP6-38) vagy fiziológiás sóoldatot injektáltunk. A retinák eltávolítása 3 illetve 6 órával a kezelést követően történt. A kontrolhoz viszonyított génexpressziós különbségeket kvantitatív real-time PCR segítségével határoztuk meg. A morfológiai vizsgálatokhoz a kísérleti állatokat 1 és 3 napos korban kezeltük, a szemek kipreparálását 5 napos korban végeztük el. A retinákból félvékony metszeteket készítettünk, majd a változások kvantifikálását morfometriai mérésekkel végeztük el.

A génexpressziós vizsgálatok azt mutatják, hogy a PACAP6-38 kezelés növelte a fibroblaszt növekedési faktor-2, ugyanakkor csökkentette az Fgf8 és 9 expresszióját, valamint növekedési differenciációs faktor-3 szintjét. A kezelés hatására csökkent a sejtek multipotens állapotát fenntartó gének expressziója (Pax6, Nanog, T), de változott bizonyos retinális sejttypusok differenciálódásáért felelős faktorok (Mash1, Otx2, NeuroD1, Neurog1) expressziója is. A morfológiai vizsgálatok azt mutatják, hogy a kezelt retinában 12,4%-al növekedett a belső rostos réteg vastagsága, differenciáltabbá vált a belső sejtes réteg és 15,6%-al emelkedett a ganglionsejtek száma. Konklúzióként levonhatjuk, hogy a PACAP, PAC1 receptorokon keresztül közvetlenül és – növekedési faktorokon keresztül – közvetett módon módosítja a retina morfogenezisét. A PAC1 receptorok gátlása az összejt állapotból való továbblépést indukálja, illetve – a ganglionsejtek és a belső rostos réteg valamennyi sejtjének fejlődését előremozdítva – siettet a szövet érését.

---

**SZILVÁSY-SZABÓ ANETT**

Biológus  
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

**RABI FRUZZSINA ANDREA**

Biológus  
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Kalló Imre  
kutató, MTA KOKI*

---

**A GnRH neuronok kapcsolata kisszeptin sejtekkel - immunhisztokémiai vizsgálat  
nőstény egerek két agyterületén**

A *gonadotropin releasing hormon* (GnRH) neuronok alapvető szerepet játszanak a szaporodás centrális regulációjában, a hipotalamusz fő kimeneteli jeleként részt vesznek a hipotalamo-hipofizeo-gonádális tengely kialakításában. A GnRH sejtek működésére a harmadik agykamra körül, a rostrális periventriculáris areában (RP3V), illetve az arcuatus mag (Arc) területén elhelyezkedő kisszeptin (KP) neuronok közvetlen és közvetett, ösztrogén-mediált hatást is gyakorolnak.

A KP sejtek GnRH neuronokra kifejtett hatása jól ismert, ugyanakkor az egyelőre kevésbé tanulmányozott, hogy a GnRH sejtek képesek-e befolyásolni a RP3V és Arc neuronok működését. Kísérleteinkben ezért azt vizsgáltuk, hogy létezik-e egyfajta visszacsatolás a GnRH neuronok felől az őket beidegző KP sejtekre. Ez fontos önszabályozó kört jelenthetne a GnRH működésében.

Vizsgálatainkat 50 napos CD1 nőstény egereken végeztük, amelyekből kezelt és kontroll csoportokat hoztunk létre. A kísérleti állatokon ovariectómiát hajtottunk végre, majd a kezelt csoportba ösztrogén-, a kontroll csoportba olajtartalmú kapszulát ültettünk be. Három nap elteltével az egereken kolchicinkezelést hajtottunk végre, majd az ösztrogén pozitív, illetve negatív *feedback* fázisában az állatokat perfundáltuk. Az eltávolított agyakat fagyasztó mikrotómmal, illetve vibratómmal 30 µm-enként lemetsztettük.

Az ösztrogénkezelt agyak RP3V régiójából, illetve az olajkezelt agyak Arc-ából kiválasztott metszeteket kettős immunfluoreszcens jellel láttuk el és fluoreszcens festékekkel tettük láthatóvá.

Konfokális lézer mikroszkópos elemzéssel immunreaktív GnRH nyúlványokat mutatunk ki mind az Arc, mind a RP3V területén, ahol e nyúlványok a KP sejtek felszínén varikozitásokat képeztek. A kapcsolatokat kvantifikálása során megállapítottuk, hogy a RP3V régióban a KP sejtek 20%-án, míg az Arc-ban a sejtek közel felén találhatók GnRH axonvarikozitások. A kapcsolatok jellegének tanulmányozása céljából a metszeteinket elektronmikroszkópos vizsgálatra készítettük elő, amely során valódi, aszimmetrikus szinapszisokat detektáltunk, ebből a szinapszisok serkentő jellegére következtünk.

Eredményeink alapján a GnRH neuronok mindkét régióban közvetlenül befolyásolják a KP sejtek működését, tehát köztük reciprok kapcsolat áll fenn, ami valószínűleg serkentő hatású. Ennek bizonyítására további elektrofiziológiai vizsgálatokat tervezünk.

---

**TODOROV MIHAIL IVILINOV**

Biológia

BSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Juhász Gábor*

*tudományos főmunkatárs, ELTE TTK*

---

**A retina és a vizuális kéreg közötti inger-indukált csatoltság változása az inger paramétereinek függvényében**

A gamma frekvenciás EEG oszcillációk időzített csatoltságot teremtenek az agykéreg egymástól funkcionálisan elkülönülő területei között. Kísérleteinkben a vizuális rendszer retinális és primer látókérgi – gamma frekvencia tartományba (30 – 70 Hz) eső – oszcillatorikus potenciáljait (OP) vizsgáltuk szabadon mozgó, felnőtt, hím Sprague-Dawley patkányokban. Mértük az OP-k ingerszélesség (0,01 – 1000 msec), az inger-intenzitás (800 – 5000 mcd/mm<sup>2</sup>), a két inger közötti intervallum (10 – 400 msec) függését, valamint a stimulus frekvencia (0,25 – 25 Hz) hatását a vizuális kéreg válaszáira. Eredményeink szerint a retináról elvezethető és a vizuális kérgen mérhető gamma frekvenciájú oszcillációk biztosítják a két terület csatoltságát. Megállapítottuk, hogy az OP-k tükrözik a kiváltó ingerek paramétereit – a retinális és a kérgi OP-k között állandó latencia figyelhető meg ( $4 \pm 1$  msec) – továbbá, hogy egy adott ingerfrekvenciánál a látórendszer átvált egyedi inger módból (*single flash response*) folyamatos inger módba (*steady state response*). A csatoltság fogalmát és funkcióját többféle módon képzelik el és modellezik. Adataink szerint valószínű, hogy az OP-k funkciója a retina és a kéreg közötti információ átvadás szinkronizálása lehet, hasonlóan a kérgi gamma aktivitáshoz.

**Melanómasejtek transzmigrációs útvonalainak vizsgálata *in vitro* vér-agy gát modellen**

A melanoma malignum (melanóma) a melanociták rosszindulatú daganata, amely igen gyakran képez központi idegrendszeri áttéteket. Mivel a központi idegrendszer nem rendelkezik nyirokkeringéssel, ezért a metasztatikus sejtek csupán a véráramon keresztül képesek az agyi parenchymába migrálni. A vér és a központi idegrendszer között a vér-agy gát képez aktív határfelületet. Ennek kialakításában fontos szerepet játszanak az erek falát béleelő endotélsejtek és interendoteliális kapcsolataik, melyek komoly akadályt jelentenek a tumorsejtek agyi áttétképzése során. A tumorsejtek extravazációjáról jelenleg igen keveset tudunk, ám az feltételezhetően számos hasonlóságot mutat a fehérvérsejtekével. Utóbbiak képesek a sejtek között (paracellulárisan), de ugyanakkor az egyedi endotélsejteken keresztül (transzcellulárisan) is átvándorolni. Kutatócsoportunk egy, a transzmigráció vizsgálatára adaptált *in vitro* vér-agy gát modell segítségével tanulmányozta a melanómasejtek extravazációját.

A melanómasejtek hatását az agyi endotéliumra először transzendoteliális elektromos ellenállás (TEER) mérésekkel vizsgáltuk. Melanómasejtek hatására az elektromos rezisztencia szignifikáns csökkenést mutatott az idő függvényében. Mivel a TEER-t elsősorban az interendoteliális szoros kapcsolatok épsége határozza meg, ezért feltételeztük ezek sérülését a melanómasejtek transzmigrációja folyamán. Feltételezésünk megerősítésére több módszerrel is tanulmányoztuk az endoteliális szoros kapcsolatokat alkotó fehérjék változását a melanómasejtek jelenlétében. Immunfluoreszcens vizsgálatokkal igazoltuk, hogy a melanómasejtekkel történő kontaktus hatására elsőként a szoros kapcsolatok transzmembrán fehérjei sérülnek, majd később a plakk proteinek is jelentős károsodást mutatnak. Western blot analízissel kimutattuk továbbá a transzmembrán fehérjék mennyiségi csökkenését melanómasejtek jelenlétében, mely hatás részben a melanómasejtek által kondicionált médiummal is kiváltható volt. Ezen eredményeink mellett azonban elektronmikroszkópos vizsgálataink során a melanómasejtek transzcelluláris migrációjára utaló képeket is rögzítettünk.

Kísérleteink alapján kijelenthetjük, hogy a melanómasejtek képesek paracelluláris úton átmenni a vér-agy gáton, emellett azonban transzcelluláris migrációjuk sem zárható ki.



---

**ZSEDÉNYI CSILLA KARINA**

Biológus

MSc, 9. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Ádám Ágota*

*tudományos munkatárs, SE ÁOK*

---

### **Szintetikus cathinonok ("designer drogok") hatása a tanulásra és a korai neurogenesisre**

A szintetikus pszichoaktív szereknek egy olyan csoportját, amelyek farmakológiailag és szerkezetileg is nagyon hasonlóak egy kábítószerként nyilvántartott vegyülethez „designer-drogeként” vagy a köznyelvben „party-drogeként” ismernek. Ezek a szerek könnyen beszerezhetőek az Internet adta lehetőségek által, így rohamosan terjednek, hatásukról azonban ez idáig csak nagyon kevés állatkísérletes eredmény, ill. humán vizsgálati adat áll rendelkezésre. Jelen kutatásban a szintetikus cathinonok csoportjába tartozó mefedron és butylon nevű szerek neurotoxikus és az agyfejlődésre, különös tekintettel a neurogenesisre gyakorolt hatását vizsgáltuk.

Kísérleteinkben madár modellrendszer segítségével az alábbi kérdésekre kerestük a választ: 1. Milyen hatásuk van ezeknek a drogoknak a fejlődő embrióra, különös tekintettel a neurogenesisre? 2. Milyen viselkedési hatásokat fejtenek ki a cathinonok családjába tartozó *designer* drogok? 3. Hogyan befolyásolják ezek az ágensek a *striatum*-mal kapcsolatos tanulási képességet?

A mefedron neurogenesisre gyakorolt hatásának vizsgálatához termékenyített tyúktójsákat kezeltünk mefedronnal (2 mg/tojás kg, in ovo) a 6. ill. a 10. embrionális napokon. A posztembrionálisan proliferáló neuronokat a *striatum* szubvetrikuláris zónájában kvantitatívan elemeztük jelzett nukleozid, bromo-deoxi-uridin (BrdU) beépülése alapján, amelyet immunhisztokémiai módszerekkel láthatóvá tettünk. A 10. embrionális napon kezelt állatok esetében szignifikáns csökkenést tapasztaltunk a keletkező idegelemek számában.

A 10mg/ttkg i.p. butylonnal kezelt csirkéken a kezelést követően koordinációs zavarokat figyeltünk meg, amely a poszturális kontroll elvesztésével, valamint erős hiperventillációval járt együtt.

A szociális izoláció által kiváltott stresszre adott választ (ún. „*distress call*” mérése) a mefedron befolyásolta, ti. a mefedronnal (10mg/ttkg i.p.) kezelt állatok a vizsgálat első 5 percében szignifikánsan több vészívást hallattak, mint a kontroll csoport egyedei. A butilon (10mg/ttkg i.p.) esetében szignifikáns eltérést nem tapasztaltunk.

A *striatum*mal kapcsolatos tanulási képességek vizsgálatához passzív elhárító tesztet alkalmaztunk, amelynek során a naposcsibéket 30 perccel a tanítás előtt mefedronnal (10mg/ttkg ip) kezeltük. Megállapítottuk, hogy a mefedronnak nem volt hatása a tanulásra, ha a tanítás előtt volt a kezelés.

---

---

## NEUROFIZIOLÓGIA

**2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-429 terem, 9:00-11:30**

**Zsűri: Prof. Dr. Gábrriel Róbert, Dr. Hernádi István, Dr. Világi Ildikó**

|             |   |
|-------------|---|
| 9:00-9:15   | <b>Albert Zsófia</b> (ELTE TTK): Az izoflurán anesztézia hatása a retina és a vizuális kéreg közti csatlotságra   |
| 9:15-9:30   | <b>Knyihár Viktória</b> (SZIE ÁOTK): Kisméretű agyszövet-minták mitokondriális vizsgálatának módszere, és annak gyakorlati jelentősége  |
| 9:30-9:45   | <b>Major Katalin</b> (ELTE TTK): Glicin receptorok működésének farmakológiai befolyásolása  |
| 9:45-10:00  | <b>Pálfi Emese</b> (ELTE TTK): Az ujjbegy reprezentációk reciprok kapcsolatai a főemlős szomatoszenzoros kéregben   |
| 10:00-10:30 | szünet  |
| 10:30-10:45 | <b>Rózsa Márton</b> (SZTE TTIK): Az agyi inzulin helyi forrásai és hatása   |
| 10:45-11:00 | <b>Schlingloff Dániel</b> (ELTE TTK): Hippokampális éleshullám-ripple ( <i>sharp wave-ripple</i> , SWR) aktivitás háttérében álló hálózati és sejtszintű mechanizmusok vizsgálata <i>in vitro</i> . |
| 11:00-11:15 | <b>Szalontai Örs</b> (ELTE TTK): A cirkadián és homeosztatisz tényezők alvás-ébrenlétre kifejtett hatásának vizsgálata különböző fény-sötét körülmények között tartott patkányokban                 |
| 11:15-11:30 | <b>Tófalvi Renáta, Zeke Lilla</b> (MPANNI): Alvászavarok cerebrál paretikus gyermekeknél  |

---

---

**ALBERT ZSÓFIA**

Biológus

MSc, 9. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Juhász Gábor*

*tudományos tanácsadó, ELTE TTK*

---

### **Az izoflurán anesztézia hatása a retina és a vizuális kéreg közti csatlotságra**

A retina és az agykéreg között az oszcillációs potenciálok (OP) funkcionális csatlotságot hoznak létre, hasonlóan a kérgi gamma oszcillációs csatlotsághoz. A narkózis egyik lényeges jellemzője a vizuális információfeldolgozás elemeinek szétcsatlotsa, ami a percepció megszűnéséhez vezet.

Krónikus kísérleteinket felnőtt Sprague-Dawley patkányokon végeztük. Munkánk során arra kerestük a választ, hogy 0,25 Hz-es vizuális ingert alkalmazva, az izoflurán hatására létrejött felszínes - (0,6%) és mély narkózis (1,5%) milyen hatással van a retinális és a kérgi OP-k alakulására. Arra az eredményre jutottunk, hogy a narkózis mélysége nem csak befolyásolja az oszcillációs potenciálok egyes tulajdonságait (amplitúdó, latencia, korreláció), hanem azok pontosan követik a narkózis mélységét, tehát az összecatlotság „mértékének” tekinthetők. Annak igazolására, hogy nem a retinális OP-k terjedtek át passzívan a cortexre, nátriumcsatorna-blokkoló tetrodotoxint (TTX) adtunk a primer látókéreg felszínére. A TTX megszüntette a kérgi oszcillációs potenciálokat a retina változatlan oszcillációs aktivitása mellett.

Eredményeink felvetik annak a lehetőségét, hogy az oszcillációs potenciálok mérése felhasználható lesz a narkózis ellenőrzésére a humán klinikumban is.

---

**KNYIHÁR VIKTÓRIA**

Állatorvosi

Osztatlan, 7. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezető:*

*Kiss Dávid Sándor*

*tanszéki munkatárs, SZIE ÁOTK*

---

**Kisméretű agyszövet-minták mitokondriális vizsgálatának módszere, és annak gyakorlati jelentősége**

A hipotalamusz a homeosztatikus folyamatok szabályozásáért felelős egyik legfontosabb agyterület, pontos élettani szerepe azonban számos aspektusból máig sem tisztázott. A Szent István Egyetem Állatorvos-tudományi Karán az Élettani és Biokémiai Tanszék Neuromorfológiai-neuroendokrinológiai munkacsoportja a hipotalamusz által irányított reproduktív folyamatokat, valamint a táplálékfelvétel szabályozását vizsgálja az itt megtalálható éhség-jóllakottság központon keresztül. A szóban forgó hipotalamikus központok aktivitása jól nyomon követhető a neuronális energiafogyasztással, ez utóbbit pedig hűen reprezentálja a neuronok ATP-termeléshez kapcsolt mitokondriális légzése. Az egyes agyterületek működésére tehát ezen organellumok oxigén-felhasználásából következtetünk.

Tervezett kutatásainkban patkányok különböző hipotalamikus agyterületeiből nyert mitokondrium-frakciók légzési aktivitását kívántuk vizsgálni Clark-típusú oxigénelektóddal. A hipotalamikus neuronok aktivitásában mutatkozó egyedi eltérések és a mérés érzékenysége nem teszi lehetővé csoportminta alkalmazását, tehát elengedhetetlen a mérések patkányegyedenkénti megvalósítása. Mivel ilyen kisméretű és szövettani heterogenitásánál fogva is nehezen izolálható idegszövet feldolgozásra irányuló módszer a szakirodalomban mindeztidáig nem került publikálásra, szükségessé vált egy olyan frakcionálási módszer kifejlesztése, amely lehetővé teszi, hogy az említett agyterületből megfelelő tisztaságú, azaz élettani szempontból is értékelhető mintát nyerhessünk.

Munkánk célja a hagyományosan alkalmazott, differenciálfrakcionálással nyert durva mitokondrium-frakció tisztítása, abból a mitokondriális légzésmérést értékelhetőségét nagyban befolyásoló szubcelluláris összetevők eltávolítása, valamint a különböző kompartmentekhez tartozó mitokondrium-frakciók (szinaptoszómális és szómális) elkülönítése volt.

Munkánk eredményeként egy Percoll (GE) alapú szubfrakcionálási eljárást fejlesztettünk ki, mely megfelelően rövid idő ráfordításával, költséghatékony módon, pusztán alapvető laborfelszerelés mellett is lehetővé teszi a légzésmérésre alkalmas mitokondrium-szubfrakciók elkülönítését akár a néhány mg-os agyszövet-mintából.

---

**MAJOR KATALIN**

biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Fodor László*

*kutató biológus, Richter Gedeon Nyrt. Farmakológiai és Gyógyszerbiztonsági Kutatási*

*Főosztály*

---

### **Glicin receptorok működésének farmakológiai befolyásolása**

A sztrichnin-érzékeny glicin receptor (GlyR) kloridion áteresztő ligandum-vezérelt ioncsatorna, a központi idegrendszerben általánosan elterjedt, legjellemzőbben a gerincvelőben fejeződik ki, ahol a glicin a fő gátló neurotranszmitter. A receptor öt alegységét klónozták napjainkig emlős idegrendszerből:  $\alpha 1-4$  és  $\beta$ , amelyekből felépül a homo-, vagy heteropentamer szerkezetű receptor-komplex (öt  $\alpha$  vagy két  $\alpha$  és három  $\beta$  alegységből). Bár a GlyR funkciót altípus-specifikus módon fokozó vegyületek hatásosak lehetnek több központi idegrendszeri kórkép terápiájában, mint például a fájdalom vagy a spaszticitás, a GlyR-ok farmakológiája kevésbé feltárt.

Kísérleteimben egység-elektrofiziológiai megközelítést, a *patch clamp* módszert alkalmaztam a különböző altípusú GlyR-ok farmakológiai érzékenységeinek vizsgálatára. A HEK sejtekben kifejeződő rekombináns humán  $\alpha 1\beta$ ,  $\alpha 3$  és  $\alpha 3\beta$  GlyR-ok működését agonistával (glicin), pozitív (cink-klorid, oktanol, klór-propofol) és negatív modulátorokkal (sztrichnin, pikrotoxinin) befolyásoltam.

Az endogén agonista glicin eltérő hatékonysággal váltott ki bemenő áramot, ezzel ellenében a GlyR szelektív, kompetitív antagonistá sztrichnin hatékonysága azonosnak bizonyult, már nanomólos koncentrációban kifejtve gátló hatását a különböző GlyR altípusokon. A picrotoxinin altípus-szelektíven gátolta az áramot, az irodalmi adatoknak megfelelően jelentősen nagyobb hatást mutatva a homomer GlyR-on. Elsőként sikerült kimutatni az oktanol és a klór-propofol  $\alpha 1\beta$  és  $\alpha 3\beta$  GlyR működést fokozó hatását, mely a két altípuson hasonló mértékű volt. Ismert, hogy a  $Zn^{2+}$  alacsony koncentrációban ( $\approx 1 \mu M$ ) pozitív modulátor, míg  $10 \mu M$  feletti koncentrációban gátló hatása érvényesül a GlyR-okon. A kísérletek alapján a  $Zn^{2+}$  pozitív és negatív hatása alegység-specifitást mutat a vizsgált  $\alpha 1\beta$  és  $\alpha 3\beta$  altípusú receptorokon.

A fenti eredmények igazolják, hogy az ioncsatorna-fehérje és a gyógyszer molekulák közötti kölcsönhatások hatékonyan tanulmányozhatók az alkalmazott kísérletes felállásban. Különösen fontos lehet az agonisták és antagonisták viselkedésének altípus szelektív vizsgálata, melyek segítségével a GlyR-ok farmakológiája feltárható és hozzájárulhat új gyógyszeres terápiák kifejlesztéséhez.

---

**PÁLFI EMESE**

biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Négyessy László*

*tudományos főmunkatárs, Elméleti Neurobiológia és Komplex Rendszerek Csoportja,*

*Wigner Fizikai Kutatóközpont, MTA*

---

### **Az ujjbegy reprezentációk reciprok kapcsolatai a főemlős szomatoszenzoros kéregben**

Az elsődleges szomatoszenzoros kérgi área 3b és 1 reciprok neuronális összeköttetései bizonyítják szoros funkcionális kapcsolatukat. Bár e két terület specifikus szerepét a tapintási észlelésben nehéz meghatározni, jól ismert, hogy a neuronok összetettebb receptív mező tulajdonságokkal rendelkeznek az área 1-ben, mint az área 3b-ben. Az área 3b és 1 funkcionális szerveződésének alapjául szolgáló neuronkörök vizsgálatához fiziológiai térképezéssel kombinált pályajelölést használtunk, és összevetettük az área 3b és 1 projekciós mintáit. A két área közötti reciprok kapcsolatok az azonos ujjbegy reprezentációs területeit preferálják. Az área 3b-n és 1-en belül a kapcsolatok horizontális mintája igazolja az előzetes funkcionális megfigyeléseket, amelyek erős kapcsolatot mutattak a szomszédos ujjbegyek reprezentációi között. A retrográd és anterográd jelölődés réteges vizsgálata, amely leginkább a szuperficiális rétegekre korlátozódik, nem mutat hierarchikus különbséget a két área között. Másrészt az injektált reprezentációs kérgi régió lokális bemeneti területe szignifikánsan kisebb volt az área 1-ben, mint az área 3b-ben és jó megegyezést mutatott a kérgi nagyítási faktor különbségével a két áreaiban. Eredményeink azt az érdekes kérdést vetik fel, hogy hasonló funkciójú kérgi területek lokális kapcsolatainak kiterjedése és mintázata alapján lehetséges-e azok magatartási szerepének pontosabb meghatározása.



---

**RÓZSA MÁRTON**

Biológus

MSc, 12. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Tamás Gábor*

*egyetemi tanár, SZTE TTIK*

---

### **Az agyi inzulin helyi forrásai és hatása**

Az inzulin a hasnyálmirigyben felszabaduló, a sejtek cukorháztartását szabályozó hormon. Az inzulin az agyban is jelen van, koncentrációja itt egy-két nagyságrenddel nagyobb, mint a vérplazmában. A hasnyálmirigy béta sejtjeiből felszabaduló inzulin a vér-agy gát egy telíthető transzportrendszerén keresztül bejuthat az agyba, ahol részt vesz a metabolikus folyamatok szabályzásában, a neuronhálózatok működésének finomhangolásában, a táplálékfelvétel csökkentésében. Az agyi inzulin koncentráció változhat a kor előrehaladtával, obezitás, cukorbetegség, valamint Alzheimer-kór esetén, de vita tárgya, hogy az agyban is történik-e inzulin szintézis.

Kísérleteinkben kimutattuk, hogy az inzulint kódoló mRNS megtalálható az agykérgi GABAerg interneuronok egy altípusában, a neurogliaform sejtekben. Egysejt alapú digitális polimeráz láncreakcióval kimutattuk, hogy az extracelluláris glükóz koncentrációja modulálja az inzulint kódoló mRNS kópiaszámát. A K-ATP csatorna-blokkoló glibenclamide - amely inzulinszint növelő gyógyszerként használatos - alkalmazása agyszeletben *de novo* inzulin szintézist okozott. Az inzulin alkalmazása az extracelluláris folyadékban reverzibilisen csökkentette az idegsejtekre érkező spontán serkentő poszt-szinaptikus áramok (sEPSC) frekvenciáját. Az inzulin hatásához hasonlóan a glibenclamide fokális alkalmazása neurogliaform sejtekre a környező neuronokon csökkentette a sEPSC frekvenciát és ez a hatás nem volt kimutatható inzulin receptor antagonistá egyidejű alkalmazása esetén. Az fenti eredmények alapján elmondható, hogy az agykérgi neuronok egy alpopulációja inzulint szintetizál és szabadít fel, így ezzel képes lehet az agykérgi metabolikus szükségletet a helyi mikrohálózati aktivitáshoz igazítani.

---

**SCHLINGLOFF DÁNIEL**

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Gulyás Attila I.*

*tudományos tanácsadó, MTA-KOKI Agykéreg Kutatócsoport*

---

**Hippokampális éleshullám-ripple (sharp wave-ripple, SWR) aktivitás hátterében  
álló hálózati és sejtszintű mechanizmusok vizsgálata *in vitro***

Az agykéregben jelenlévő eltérő elektromos aktivitásmintázatok különböző viselkedési állapotokhoz köthetők, és a kéreg eltérő információfeldolgozási módjait tükrözik. Az éles-hullám és a rajta fekvő *ripple* (200 Hz) oszcilláció (*Sharp Wave Ripple*, SWR) a hippocampusban jön létre, és fontos szerepe van a hosszútávú memória rögzítésben, azonban a generálásában szerepet játszó hálózati és sejtszintű mechanizmusok alig ismertek. Célunk az volt, hogy fényt derítsünk az éles-hullám keletkezés, termináció és *ripple* oszcilláció genezis mögött álló mechanizmusokra. Az éles-hullám keletkezés vizsgálatához a sejtekre érkező gátló és serkentő szinaptikus áramokat párhuzamosan mértük a lokális mezőpotenciállal. A szinaptikus és hálózati események dinamikájára alapozva felállítottunk egy modellt, melyben a SWR keletkezés egy sztochasztikus és refrakter mechanizmus függvénye. Hogy megértsük, mi alakítja ki az éles-hullám mezőpotenciált, és a csúcán jelentkező *ripple* oszcillációt a piramis rétegben, elkülönítettem az akciós potenciálok valamint a gátló áramok hozzájárulását. Gabazine segítségével kimutattam, hogy a periszomatikus gátlóáramok fontos szerepet játszanak az SWR mezőpotenciál, valamint a multiunit tüzelés fáziskapcsoltságának kialakításában a piramisrétegben. Hogy azonosítsam a gátló komponensért felelős periszomatikus régiót innerváló gátlósejt populációt, kihasználtam azt, hogy eltérő feszültségfüggő kalcium csatorna közvetíti a parvalbumin (PV+) ill. kolecisztokinin tartalmú gátlósejtek transzmitter kibocsátását. Bizonyítottam, hogy a PV+ gátlósejtek felelősek a korábban kimutatott gátló komponensért. Modellek szerint egy serkentéssel meghajtott szinaptikusan kölcsönösen összekötött gátlósejt hálózat képes magas frekvenciás oszcillációt létrehozni. A PV+ populációból csak a gyorsan tüzelő kosársejtek felelnek meg ennek a kritériumnak, így potenciálisan alkalmasak az éleshullámon található *ripple* oszcilláció generálására. További kísérletekkel alátámasztottam, hogy kulcsszerepük van a ripple oszcilláció genezisben, továbbá transzmissziójuk rövidtávú depressziója felelős lehet a SWR-ek terminálásában is. Összefoglalóan elmondható, hogy a PV+ gyorsan tüzelő kosársejtek kritikus szerepet játszanak a piramis rétegben mérhető éleshullám mezőpotenciál, a *ripple* oszcilláció valamint a multiunit tüzelés fáziskapcsoltságának kialakításában.

---

**SZALONTAI ÖRS**

Biológus MSc

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Hajnik Tünde**egyetemi tanársegéd, ELTE TTK*

---

**A cirkadián és homeosztatisz tényezők alvás-ébrenlétre kifejtett hatásának vizsgálata különböző fény-sötét körülmények között tartott patkányokban**

Az alvás a biológiai ritmusok egyik legjellemzőbb példája. Az alvás szabályozásában homeosztatisz és cirkadián tényezők egyaránt szerepet játszanak, együttes hatásukat legtöbbször a Borbély-féle „*two process modell*” foglalja össze. Kísérletünkben arra voltunk kíváncsiak, hogy az alvás alatti delta teljesítmény (DP, „*delta power*”) változásaira melyik tényező hat erősebben, az előzőleg természetes fény-sötét körülmények (LD, *light-dark conditions*) között tartott állatok 1-1 órás LD körülmények közé helyezése, milyen hatással van a patkányok alvási szokásaira.

Kísérletünk során megállapítottuk, hogy 1-1 órás LD körülmények közé helyezett patkányok 24 órás napi ritmusa 1 hét után sem szűnt meg. Míg a 12-12 órás LD között tartott állatok magas delta teljesítménnyel jellemezhető mélyalvásának túlnyomó része a nyugalmi időszak első néhány órájára összpontosult, az 1-1 órás LD között tartott patkányokra ez kevésbé volt jellemző: a DP 24 órás varianciája csökkent. Megfigyeltük tovább, hogy a paradox alvási szakaszok többsége a sötét órákra tolódott.

Úgy tűnik, hogy az alvásra erősen megváltozott LD körülmények között is erősen hat a cirkadián szabályozás, de az alvás mélységét a homeosztatisz tényezők befolyásolják leginkább.

---

**TÓFALVI RENÁTA**

óvodapedagógus

BA, 7. félév

Mozgássérültek Pető András  
Nevelőképző és Nevelőintézete

**ZEKE LILLA**

konduktor

BA, 7. félév

Mozgássérültek Pető András  
Nevelőképző és Nevelőintézete

*Témavezető:*

*Dr. Kelemen Anna*

*habilitált egyetemi docens, MPANNI*

---

### **Alvászavarok cerebrál paretikus gyermekeknél**

**Célkitűzés:** A cerebrál paretikus (CP) gyerekek alvászavarainak felmérése. **Módszer:** 2011-2012-ben, 55, a Pető Intézetben nevelt cerebrál paretikus 24 fiú, és 31 lány gyermeket vizsgáltunk gyermek-alvászavar standardizált kérdőívvel, mely az alvászavarok meglétét, 4 típusát (elalvási- átalvási zavar, alvási légzészavar, verejtékezés, ébredés és túlzott aluszékonyság), és ezek súlyosságát vizsgálja ötfokozatú skála segítségével. A kontrollcsoportot 55, nemben és korban megfelelő gyermek képezte. A magyar nyelvű tesztet a gyermekek szüleivel vagy a konduktorokkal vettük fel. Vizsgáltuk az alvászavarok előfordulásának gyakoriságát és típusait a CP diagnózisokkal, életkorral és a mentális állapottal összefüggésben.

**Eredmények:** Az iskolás korosztályban nem volt különbség a CP- s és az ép gyerekek alvászavar-skála pontértékeiben. Az óvodás korosztályban az ép gyerekeknél gyakoribbak voltak az alvászavarok általában, a CP- s gyerekek alvászavar-skála összértékei alacsonyabbak voltak. Egyes alvászavar típusok eltérő gyakoriságot mutattak a CP- s és a nem CP- s gyerekeknél. A légzészavarok, a horkolás, a nappali aluszékonyság és az éjszakai verejtékezés a cerebrál paretikus, az ébredési zavarok pedig a kontroll csoportban jelentkeztek gyakrabban.

A cerebrál parézises gyerekeken belül a dyskinetikus csoportban volt több alvászavar összességében, melyet a diparetikus és a tetraparetikus csoport követ. Az elalvási zavarok is és a horkolás is az dyskinetikus csoportban volt gyakoribb. Az elalvási zavarok az érzelmi zavarokkal állhatnak összefüggésben, mind a depresszió, mind pedig a szorongásos zavarok egyik tünete lehetnek, ezen kívül, inherens belső szabályozási okuk is lehet.

A horkolás az opstruktív alvási apnoe tünete, mely a légző rendszer izomtónus-zavara miatt keletkezik alvásban; az athetotikus és a tetraparetikusok csoportjában volt gyakoribb.

Az ébredési zavarok gyakoriságában és az éjszakai verejtékezésben nem volt különbség a CP altípusai között. A nappali aluszékonyság a diparetikusok csoportjában volt valamivel gyakoribb. Következtetés: cerebrális paretikus gyerekeknél az alvászavarok különböznek egészséges társaikénál. Az athetotikus és tetraparetikusok alvászavarai specifikusak. Mivel az alvás és a tanulás szoros kapcsolatban áll egymással, a konduktív pedagógiában, mely a tanuláson keresztül történő fejlesztésre épít, felismerésük, és kezelésük nem mellőzhető.

---

## NÖVÉNYÉLETTAN ÉS NÖVÉNYSZERVEZETTAN I.

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-182 terem, 8:00-10:15

Zsűri: Dr. Tamás László, Dr. Bagi Ferenc, Mainé Dr. Csiszár Jolán

|             |  |
|-------------|--|
| 8:00-8:15   | <b>Deli Márta</b> (SZTE TTIK): <i>In vitro</i> androgenézis indukciója paprikában ( <i>Capsicum annuum</i> L.)   |
| 8:15-8:30   | <b>Riba Milán, Garda Tamás</b> (DE TTK): Cyindrospermopszin (ciano-toxin) hisztológiai és citológiai hatásának vizsgálata <i>Vicia faba</i> modellnövényben          |
| 8:30-8:45   | <b>Kiss Zoltán</b> (DE TTK): A növényi szövettényészetek felhasználása laboratóriumi modellkísérletekben ( <i>Quercus</i> és <i>Vicia</i> fajok alkalmazásával)      |
| 8:45-9:00   | <b>Leviczky Tünde</b> (SZTE TTIK): A glutation transzferáz izoenzimes család indukciója nyárfa vonalakban cinkstressz hatására                                       |
| 9:00-9:30   | szünet   |
| 9:30-9:45   | <b>Ludmerszki Edit</b> (ELTE TTK): A kukorica csíkos mozaik vírus okozta stressz hatásának vizsgálata csemegekukoricáknál S-metilmethionin előzeleése esetén         |
| 9:45-10:00  | <b>Mátai Anikó</b> (PTE TTK): $\beta$ -aminovajsav (BABA) kezelés hatása a szőlő levélsodródását okozó vírus 1 (GLRAV-1) terjedésére a növényben                     |
| 10:00-10:15 | <b>Takács Zoltán</b> (SZTE TTIK): A poliamin katabolizmussal kapcsolt hidrogén-peroxid és nirogén-monoxid szerepe a só-stressz által indukált sejthalál kiváltásában |

---

---

**DELI MÁRTA**

Biológus

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Lantos Csaba*

*tudományos munkatárs, Gabonakutató Nonprofit Közhasznú Kft.*

---

### ***In vitro* androgenezis indukciója paprikában (*Capsicum annuum* L.)**

Az *in vitro* androgenezis folyamatán alapuló izolált mikrospóra (éretlen pollen) tenyésztés módszerével *double haploid* (DH) vagy kettőzött haploid növényeket lehet létrehozni. Ezen eljárást a növénynemesítők előszeretettel alkalmazzák, hogy a nemesítés folyamatának szelekciós idejét 6-8 generációról 1 regenerációra csökkentsék. Ezen alapuló haploid technika fűszerpaprika esetében is sikeresen alkalmazható.

Az *in vitro* androgenezis sikerét több tényező is befolyásolja, úgymint a genotípus, donor növények felnevelése, mikrospórák fejlettségi állapota, stressz kezelése, indukciós tápoldat és a regenerációs tápoldat összetétele. Kísérleteinkben az indukciós és regenerációs tápoldat összetételét tanulmányoztuk. Az izolált mikrospórákat B5 és ½ B5 tápoldatban tenyésztettük cefotaxime illetve 100 mg/l timentin és 20mg/l rifampicin antibiotikum keverék kiegészítéssel. Szignifikáns különbséget kaptunk embrioidok számában a különböző kezelések között, a legtöbb embrioid a ½ B5 cefotaxime antibiotikummal kiegészített indukciós tápoldatban fejlődött. A regeneráló táptalajon növekedett, a cefotaxime kiegészítéssel készült ½ B5 tápoldatból származó embrioidok regenerálták a legtöbb gyökeret. Regeneráció során teszteltük a gelrite koncentrációjának hatását a regenerációra, a felhasznált táptalajokon növekedett embrioidok gyökeresedési erélye és hajtás fejlődése nem adott számottevő különbséget különböző gelrite koncentrációjú táptalajon.

A sikeresen regenerált növények ploid fokát flow cytometriás vizsgálattal ellenőriztük, a fertilis spontán diploid növények a Fűszerpaprika Kutató-Fejlesztő Nonprofit Közhasznú Kft. Szegedi Osztályán kerülnek felhasználásra a hibrid nemesítési programjukban.

---

**RIBA MILÁN**

Biológus  
MSc, 9. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

**GARDA TAMÁS**

Biológus  
MSc, 8. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Máthé Csaba*

*egyetemi adjunktus, DE TTK*

---

**Cylindropermopszin (ciano-toxin) hisztológiai és citológiai hatásának vizsgálata  
*Vicia faba* modellnövényben**

Munkánk során két *Vicia faba* (lóbab) genotípusban (*Standard* és *ARC Egypt Cross*) vizsgáltuk a cylindropermopszin hatását. A növekedésvizsgálatok mellett célul tűztük ki a CYN hisztológiai és citológiai hatásainak vizsgálatát.

Igazoltuk a magas ( $10\text{--}20\ \mu\text{g ml}^{-1}$ ) CYN koncentráció *V. faba* növényekre gyakorolt növekedés gátló hatását mind hajtás mind gyökér esetében, továbbá gyökér nekrozist is tapasztaltunk. A nekrosis feltételezhetően egy védekezési mechanizmus része, a növény így próbálja gátolni a toxin szállítószövetbe való bejutását. A toxin növekedésre és az oldalgyökerek kialakulására gyakorolt hatása nagy mértékben függ a megvilágítástól, a kezelés időtartamától és a genotípustól.

A megvilágítás számottevően nem befolyásolta a mitotikus indexek alakulását, de Allen táptalajon 6 napos kezeléseknél  $0,01\text{--}0,1\ \mu\text{g ml}^{-1}$  toxinkoncentráció tartományban a mitotikus index jelentősen magasabb volt a kontrollhoz képest. Ez a tendencia MS\* táptalajon nem jelentkezett. Magas CYN koncentráció a mitózisra nézve gátló hatású volt. 3 napos tesztek során azt tapasztaltuk, hogy a mitotikus index magas toxinkoncentráció mellett is tovább nő, és a korai (P+PM+M) és a kései (A+T) mitotikus fázisok számában egyaránt növekedést tapasztaltunk, de arányaiban az ana- és telofázisos sejtek száma növekedett nagyobb mértékben. Ebből adódóan azt feltételezzük, hogy a növények késői mitózisból való kilépését gátolja a CYN, melyet rövidtávú szinkronkísérletekkel kívánunk igazolni. Mivel a növekedési és mitotikus görbék némileg eltérnek, ezért arra következtetünk, hogy a toxin nem csak a sejtosztódásra van hatással, de a sejtek megnyúlását is befolyásolja.

A citológiai vizsgálatok során a kontroll növényekre nem jellemző hasadt és dupla pre-profázis köteteket figyeltünk meg a toxinnal kezelt növények esetében. A jelenség általános volt az alacsony CYN koncentrációval kezelt növényeknél. A jelenség feltehetően a toxin fehérjeszintézis gátló hatása következtében a mikrotubulusok kötegelésében résztvevő fehérjék mennyiségének csökkenésével magyarázható. A rendellenes PPB-k a sejtciklus későbbi szakaszaira is hatással vannak, hatásukra ferde osztódási orsó és fragmoplaszt alakul ki. A részletek pontosabb kiderítése érdekében fixálatlan (élő) GFP-tubulin fúziós fehérjéket termelő sejtekben tervezünk hasonló vizsgálatokat. Megállapítottuk továbbá, hogy a toxin hatására kromoszómatörések jelennek meg.



---

**KISS ZOLTÁN**

Biológus

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Máthé Csaba**egyetemi adjunktus, DE TTK**Demeter Zita**doktorjelölt, DE TTK*

---

**A növényi szövettan és sejttan felhasználása laboratóriumi modellkísérletekben  
(*Quercus* és *Vicia* fajok alkalmazásával)**

A globális klímaváltozás erősen befolyásolja az erdőtürelések dinamikáját világsszerte. Számos kutatás irányul ezen folyamatok feltérképezésére, hiszen a fás türelések jelentős gazdasági és ökológiai szereppel bírnak. A mérsékelt övben, így hazánk területén is a bükkfélék, ezen belül is a különböző tölgy (*Quercus*) fajok e türelések egyik legmeghatározóbb növényei, így az általuk elszenvedett környezeti hatások vizsgálata segíthet megérteni a türelések összetételének recens és jövőbeli változásait.

A Debreceni Egyetem TEK Növénytan Tanszékén folyamatban lévő kutatásaink hatékony módszernek bizonyultak, hogy laboratóriumi körülmények között vizsgálhassuk a különböző *Quercus* fajok szárazságtűrési tulajdonságait. A növényi szövettan és sejttan módszereit alkalmazva a fás szárú növények stresszfiziológiai vizsgálatával alapvetési kérdéseket tisztázhatunk. A kutatás gazdasági jelentősége pedig abban áll, hogy a modern erdőgazdaság számára segíthet a megfelelő tulajdonságú fajokat/genotípusokat kiválasztani. A szövettan és sejttan kiváló laboratóriumi modellrendszernek bizonyultak, egyedi módon az évszaktól és időjárástól függetlenek, hatékonyak és alacsony költségűek.

Tíz különböző genotípusból származó kalluszvonal esetében sikerült a szövettan és sejttan módszereket optimalizálni. Ezek a türelések szárazságstesz tolerancia vizsgálatokba kerültek. A teljes növényregenerálásig nem sikerült eljutnunk, de több vonal esetében sikerült szomatikus embriogenezist, hajtás- illetve gyökérregenerációt indukálni. Ezek a stádiumok elsősorban változatlan hormonkoncentráció arányok között jelentkeztek. Valószínűnek tartjuk, hogy ezt a hormonarányok endogén változása eredményezte.

A szövettan és sejttan esetében, mint modellszervezetekben rejlő lehetőségek további vizsgálatára *Vicia faba* szövettan és sejttan esetében is sikerült stabilizálni. Ez a növény gyakran használt modellszervezet a sejtbiológiában, kisszámú és viszonylag nagyméretű kromoszómái miatt. Szövettan és sejttan rekalitrans. A hosszú távú tenyésztésre a fiatal allevelekből származó explantátumok bizonyultak a legalkalmasabbnak. Mikroszaporítási eredményeket is elértünk hajtásrész explantátumok használatával. Amennyiben a szövetbank megfelelő méretűre növelhető, sejtszuszpenziós türelésekben sejtciklus szabályozás vizsgálatában történő felhasználását tervezzük a jövőben.

---

**LEVICZKY TÜNDE**

biológus MSc

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Gallé Ágnes*

*egyetemi tanársegéd, SZTE TTIK*

---

**A glutation transzferáz izoenzimescsoport indukciója nyárfa vonalakban cinkstressz hatására**

A cink nélkülözhetetlen a növények normális működéséhez, viszont túlzott mennyisége stresszhez vezet, melyet oxidatív stressz kialakulása követ, hatására toxikus metabolitok széles skálája jelenik meg a növényi sejtekben. Ezek eltávolításáért felelős a méregtelenítési folyamatok egyik kulcsenzime, a GST, elsősorban glutation transzferáz és glutation peroxidáz aktivitása révén. Különböző nyárfa klónokat (M-1 *Populus canadensis*, B-229 és P19/66 *Populus deltoides*) hidroponikus kultúrában exogén cink kezelésnek tettünk ki egy héten keresztül (3 és 30  $\mu\text{M}$ ). A cink nagyobb koncentrációja az egyik *deltoides* (P19/66) vonal vízpotenciáljának és sztóma konduktivitásának csökkenését okozta. A fotoszintézis mérések során enyhe, nem szignifikáns csökkenéseket tapasztaltunk a 30  $\mu\text{M}$  Zn kezelés hatására. Vizsgáltuk a glutation transzferáz (GST) és glutation peroxidáz (GPOX) aktivitás-változásokat gyökérben és hajtásban. A GST aktivitás gyökérben minden esetben, hajtásban jelentősen csak a *P. canadensis* esetében emelkedett meg a 30  $\mu\text{M}$ -os kezelés hatására. A glutation peroxidáz enzim aktivitása is nagy mértékű emelkedést mutatott a nagyobb koncentrációjú kezelés hatására mind gyökér mind hajtás esetében M-1 és B-229 vonalakban. Megvizsgáltuk bizonyos feltehetően stresszvédekezésben fontos GST expressziójában történő változásokat is. Emelkedéseket tapasztaltunk bizonyos GST gének transzkriptum-mennyiségében cink stressz hatására, mely mellett, hogy korrelációt mutat a GST és GPOX aktivitással, időbeni lefutása a *P. canadensis* vonal késői stressz reakciójára utal. Kísérleteink során bebizonyosodott a glutation transzferáz enzimek jelentős szerepe a cink stresszre adott védekezési reakciókban.

---

**LUDMERSZKI EDIT**

Biológia MSc, Növénybiológia szakirány  
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Rácz Ilona*

*egyetemi docens, ELTE TTK*

*Dr. Rudnóczy Szabolcs*

*egyetemi tanársegéd, ELTE TTK*

---

**A kukorica csíkos mozaik vírus okozta stressz hatásának vizsgálata  
csemegekukoricáknál S-metilmetionin előkezelése esetén**

A csemegekukorica a világon az egyik legnagyobb mennyiségben termesztett haszonnövényeink egyike. Élelmezési szempontból és takarmánynövényként is rendkívüli jelentőséggel bír. Fontosságának köszönhetően nagy hangsúlyt fektetnek kórokozóinak kutatására és megismerésére is, melyek közül egy virális patogén, a kukorica csíkos mozaik vírus emelhető ki. A vírusfertőzés hatására klorotikus foltok jelennek meg a növény levelein, és törpenövésűek lesznek az egyedek. Kutatásom során arra kerestem a választ, hogy a nemesítési eljárások mellett milyen módon lehetne visszaszorítani a vírus terjedését.

Ennek vizsgálatához egy természetes biogén vegyülettel, az S-metilmetioninnal kezelték a növényeket exogén módon, majd ezt követően MDMV kórokozóval fertőzték a kukoricákat. A fertőzést követő hetekben folyamatosan monitoroztam a fotoszintetikus apparátus épségét ( $F_v/F_m$ ,  $\Phi_{NPQ}$ ,  $\Phi_{f,D}$ ,  $\Phi_{NF}$ , fluoreszcencia leképezés mérése, összklorofill tartalom meghatározása), a biotikus stressz során felhalmozódott védőanyagok mennyiségét (fluoreszcencia leképezés), valamint két, a stresszválaszban vélhetőleg szerepet játszó gén expressziós változásait (GF14-6, S-adenozilmetionin szintáz).

Eredményeim alapján a vírusfertőzés számos hatását sikerült feltérképeznem, mellyel igazolok régebbi megfigyeléseket, illetve kiegészítem azokat saját eredménnyel. A fertőzés során csökken a klorofill mennyisége a fertőzött levelekben, emelkedik a konstitutív hődisszipáció és az inaktiválódott PS II reakciócentrumok energiadisszipációja, csökken a  $\Delta pH$  és a xantofill ciklus alapú kioltás. Az 520 nm-en fluoreszkáló anyagoknak a mennyisége megemelkedik, továbbá a GF14-6 és a S-adenozilmetionin szintáz gének expresszióját is befolyásolja.

Kísérleteim során sikerült igazolnom az S-metilmetionin védő hatását: megőrzi a fotoszintetikus apparátus épségét vírusfertőzés során, mérsékli a fertőzés során fellépő klorofilltartalom-csökkenést, megnöveli a 440 nm-en fluoreszkáló stresszvédő anyagok mennyiségét, továbbá befolyásolja a GF14-6 és az S-adenozilmetionin szintáz gének expresszióját, melynek eredményeképpen kondicionáló hatással rendelkezik.

---

**MÁTAI ANIKÓ**

Biológus MSc

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Jakab Gábor  
egyetemi tanár, PTE TTK*

---

**$\beta$ -aminovajsav (BABA) kezelés hatása a szőlő levélsodródását okozó vírus 1  
(GLRAV-1) terjedésére a növényben**

Számos kutatási eredmény bizonyította az elmúlt években, hogy a  $\beta$ -aminovajsav (BABA) sokféle kórokozóval szemben képes rezisztenciaválaszt indukálni növényekben. Mind laboratóriumi, mind szabadföldi kísérletekben igazolták, hogy a BABA kezelés védelmet biztosít baktériumokkal, gombákkal, petespórásokkal és fonálférgekkel szemben is. Nagyon kevés adat van azonban a vírusbetegségekkel szembeni hatékonyságáról, eddig még csak a dohány mozaikos betegsége (TMV) elleni hatékonyságát írták le.

A BABA egy mechanizmusában egyedi rezisztenciaválaszt képes indukálni növényekben, ami szorosan összefügg a *priming* jelenségével. Az indukált rezisztenciára jellemző, hogy számos kórokozó ellen képes hatékony védelmet nyújtani. Ez a széles spektrumú védelem nem más, mint az alapvető védelmi mechanizmusok gyorsabb és erősebb reakciója a patogén támadásakor. Ezt a megnövekedett válaszkapacitást nevezzük *priming*-nak. Az indukált rezisztencia kutatása jórészt a kezeléseknél a védelmi mechanizmusokra és a hozzájuk kapcsolódó génexpresszióra gyakorolt közvetlen hatásaira koncentrált. Ezt a mechanizmust kívántuk kihasználni a szőlő GLRaV-1 vírussal szembeni védelmében.

Kísérleti rendszerként a magyarországi szőlőkben gyakori floem kötött closterovírus fajt, a GLRaV-1 vírust választottuk. Fertőzött Leányka vesszőket hajtottunk 300 ml vízes perlitben, és hetente öntöttük 30 ml 300 mg/l koncentrációjú BABA oldattal. A kezelés végén (8 hét) néhány növény mutatott ugyan tüneteket, de számos közülük teljesen tünetmentes lett. RT-PCR vizsgálatokkal megállapítottuk, hogy a vírus titer fokozatosan csökken a tünetmentes növények fiatalabb részeiben. Ezen növények hajtásainak csúcsi részeiből kapott dugványok teljesen vírusmentesekké váltak és további BABA kezelést nem igényeltek. Ezzel párhuzamosan vizsgáltuk, hogy az oxidatív stresszhez, illetve a különböző védelmi útvonalakhoz (szalicilsav-függő, jázmonsav/etilén-függő) kapcsolódó génexpresszió hogyan változott a kezelés következtében.

Eddigi eredményeink arra utalnak, hogy a BABA-kezelés hatékonyan alkalmazható a szőlő kémiai védelmére és kigyógyítására (kuratív hatás) GLRaV-1 fertőzéssel szemben. A kezelések pontos beállítására, illetve a BABA teljes hatóspektrumának (más vírusokkal szembeni hatékonysága) megismerésére azonban még további kísérletek szükségesek.

---

**TAKÁCS ZOLTÁN**

Biológus MSc

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Görgényi Miklósné, Dr. Tari Irma  
tanszékvezető egyetemi docens, SZTE TTIK*

---

**A poliamin katabolizmussal kapcsolt hidrogén-peroxid és nitrogén-monoxid szerepe a só-stressz által indukált sejthalál kiváltásában**

A programozott sejthalál (PCD) kritikus szerepet játszik a só-stresszre adott válaszban. A poliaminok kis molekulatömegű polikationok, amelyek védő funkciót töltenek be a só-stressz toleranciában, azonban katabolizmusuk során számos olyan melléktermék keletkezhet, amely sejthalálhoz vezethet. Munkánk során rövid időtartamú kezelésben alkalmazott szubletális (100 mM) és letális (250 mM) NaCl koncentrációkat használtunk paradicsom növények tápoldatába keverve annak eldöntésére, hogy a poliamin katabolizmus milyen szerepet játszik a PCD kialakulásában. Az ionkieresztés alapján elmondható, hogy a letális NaCl kezelés hatására már 6 órán belül szignifikánsan megnőtt a gyökerek elhalása. A hidrogén-peroxid ( $H_2O_2$ ) koncentrációja, amely a PCD egyik kiváltó oka lehet, 250 mM NaCl kezelés hatására szignifikáns emelkedést és kettős csúcsot mutatott a kezelést követő fél és két órán belül. A reaktív oxigénformák (ROS), valamint a nitrogén-monoxid (NO) koncentrációja, amelyek együttes emelkedése fontos szerepet játszik a PCD indukciójában, megnőtt a 250 mM NaCl kezelést követő fél órában. A keletkezett  $H_2O_2$  koncentrációjának növekedése többek között a diamin-oxidáz (DAO) és a poliamin-oxidáz (PAO) enzimek aktivációjának következménye, amelyek a poliaminok oxidációját katalizálják. A letális NaCl kezelés hatására gyökérben a DAO és PAO génexpressziója fél óránál emelkedést mutatott, amely a szubletális kezelésnél elmaradt. A 250 mM NaCl-dal kezelt növények fiatal hajtásában a tolerancia fokozó spermidin (Spd) és a spermin (Spm) koncentrációja alacsonyabb volt, mint a szubletális NaCl koncentrációnál.

Megvizsgáltuk 100 mM és 250 mM NaCl-dal kezelt paradicsom növények fiatal hajtásában és gyökérben a DAO, PAO enzimek aktivitását, a  $H_2O_2$ , valamint a ROS és NO alakulását egy specifikusan ható irreverzibilis PAO gátlószerekkel, az MDL72527 alkalmazásával az idő függvényében. A gátlószer hatására a 250 mM NaCl-dal kezelt növények DAO és PAO enzimaktivitásában, valamint  $H_2O_2$  koncentrációjában tapasztalható kettős csúcsok a fiatal hajtásban és a gyökérben eltűntek, egy kisebb csúcs jelent meg a kezelést követő 2 óránál. A NO és a ROS koncentrációja a gátlószer hatására nagymértékben lecsökkent és állandó szinten maradt mindkét kezelés esetén.

Összefoglalásképpen elmondható, hogy a poliamin katabolizmus okozta oxidatív stressz, valamint a folyamattal kapcsolatba hozható NO és ROS koncentrációjának az alakulása nagymértékben hozzájárul a PCD kialakításához só-stressznek kitett paradicsom növényeknél.

---

---

## NÖVÉNYÉLETTAN ÉS NÖVÉNYSZERVEZETTAN II.

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-182 terem, 10:30-12:45

Zsúri: Prof. Dr. Borbély György, Dr. Fodorpataki László, Dr. Pécsváradi Attila

- |             |   |
|-------------|---|
| 10:30-10:45 | <b>Bela Krisztina</b> (SZTE TTIK): <i>Arabidopsis thaliana</i> glutation peroxidáz mutáns növények ozmotikus stressz toleranciájának vizsgálata   |
| 10:45-11:00 | <b>Jámbor Ilona</b> (DE TTK): <i>Juncus</i> fajpár szövettani eltéréseinek alkalmazása herbárium anyag revíziójában   |
| 11:00-11:15 | <b>Kiss Tünde</b> (SZTE TTIK): NDUSF8a gén mutációjának hatása az <i>Arabidopsis thaliana</i> stressztűrő képességére   |
| 11:15-11:30 | <b>Müller Brigitta</b> (ELTE TTK): A kloroplasztisz burkolómembrán vas-kelát-reduktáz aktivitásának vizsgálata  |
| 11:30-12:00 | szünet  |
| 12:00-12:15 | <b>Silnicki Ádám</b> (NYME EMK): Összehasonlító vizsgálatok a magyar kőris ( <i>Fraxinus angustifolia</i> Vahl subsp. <i>danubialis</i> Pouzar) és magas kőris ( <i>Fraxinus excelsior</i> L.) generatív szervein |
| 12:15-12:30 | <b>Smírová Lilla, Erdei Anna Laura</b> (ELTE TTK): A protoklorofilid szerepe a fejes káposzta belső leveleiben lejátszódó fotooxidációs folyamatokban   |
| 12:30-12:45 | <b>Tugyi Nóra</b> (SZTE TTIK): A nitrogén-monoxid és a prolin kapcsolatának vizsgálata <i>Arabidopsis thaliana</i> L. növényekben rez stressz alatt   |

---



---

**BELA KRISZTINA**

Biológus

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Mainé Dr. Csiszár Jolán*

*egyetemi docens, SZTE TTIK*

---

***Arabidopsis thaliana* glutation peroxidáz mutáns növények ozmotikus stressz toleranciájának vizsgálata**

Az élőlényeket, köztük a növényeket, egész életük során különböző környezeti hatások érik. Ezek egy részének extrém változása káros lehet számukra, stresszorként jelentkeznek, stresszt vált ki a növényi szervezetekben. Az optimálistól eltérő életkörülményekhez a növények alkalmazkodni kényszerülnek, védekeznek a káros hatások ellen, megváltoztatják anyagcsere folyamataikat, jelátviteli és génexpressziós változások következnek be. A stressz elleni védelem fontos résztvevői az antioxidánsok, melyeknek enzimatikus elemei közé tartozik a glutation peroxidáz is.

A növényi glutation peroxidázok (GPX) a  $H_2O_2$  és szerves hidroperoxidok eliminálásában vesznek részt tioredoxin, mint redukáló komponens felhasználásával. Az ebbe a családba tartozó *Arabidopsis thaliana* AtGPX2 és AtGPX3 fehérjék szerepének vizsgálatát tűztük ki célul. Kísérleteink során olyan *Arabidopsis* inszerciós mutánsokat használtunk, melyekben az AtGPX2 vagy AtGPX3 kifejeződése csökkent. Vizsgáltuk a mutáns növények növekedését, a keletkező  $H_2O_2$  és lipidperoxidációs melléktermékek mennyiségét 50-300 mOsm mannitollal és polietilén glikollal (PEG) előidézett ozmotikus stressz valamint 25-150 mM NaCl-dal kiváltott sóstressz jelenlétében. Az alkalmazott ozmotikumok eltérő módon hatottak a vizsgált paraméterekre, de a mutáns növények csak néhány esetben mutattak jelentősebb eltérést a Columbia vad típushoz képest. Két hetes csíranövények ozmotikus stressz kezelése esetén a mutánsokban alacsonyabb PEG koncentrációk hatására csökkent glutation mennyiséget, magasabb oxidált glutation arányt tapasztaltunk, míg NaCl hatására nőtt az össz aszkorbinsav és glutation mennyisége is, jelezve a növények antioxidáns védelmének aktiválódását. Az *Arabidopsis*-ban található glutation peroxidáz gének expresszióját kvantitatív valósídejű polimeráz láncreakció segítségével vizsgálva megállapítottuk, hogy más gének, pl. az AtGPX5 expressziója a mutánsokban megemelkedett kontroll körülmények között is, ami hozzájárulhatott a mutánsok ozmotikus stressztoleranciájának megőrzéséhez.

---

## JÁMBOR ILONA

Biológia

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Matus Gábor*

*egyetemi docens, DE TTK*

*Dr. Mikóné Hamvas Márta*

*egyetemi adjunktus, DE TTK*

---

### ***Juncus* fajpár szövettani eltéréseinek alkalmazása herbáriumi anyag revíziójában**

A magkészlet vizsgálatok egyik visszatérő problémája egyes „*monocot*” taxonok fajainak azonosítása. Elsősorban a *Poaceae*, *Cyperaceae* és *Juncaceae* családok problémáinak.

Két nehezen elkülöníthető szittyó faj, a *Juncus compressus* és *J. gerardii* élő (i) talajmagkészletből csíráztatott, botanikus kertben azonos körülmények között nevelt, valamint ii) terepről gyűjtött (2012)) és herbáriumi préselt példányait (EU Pannonicum flóratartományból (1923-1963) vizsgáltuk.

A hagyományos bélyegek egy része, például a lepel és a tok hosszának aránya, a porzósál / portok hosszának aránya, a bibeszál és magház hosszának aránya, a zászlós levél és a virágzat hosszúsága kétes értékű vagy nehezen értékelhető. A szár lapitottsága a herbáriumi anyagban már nem vizsgálható, sőt tapasztalataink szerint a rexigén járatok megléte sem egyértelmű.

Fejlett középső szárlevelekből készített metszetekben morfológiai eltéréseket kerestünk. A bulliform sejtek és a középeret az epidermiszhez rögzítő szklerenchima kötegek bizonyultak a határozáshoz használható bélyegeknek. A bulliform sejtek számát, illetve az adaxiális epidermiszig kifutó szklerenhimaköteg szélességét alkotó sejtek számát vizsgáltuk, és ezen sejtek számának átlagát használtuk statisztikai elemzésekhez.

A herbáriumi példányokat terméseik fenológiai fejlettsége alapján öt kategóriába soroltuk. Csak a végleges méretet elérte, még zárt termésű, már hiányzó bibeszálú herbáriumi példányok azonosítása volt egyértelmű a klasszikus bélyegek alapján.

Az egyéb fenológiai állapotú, a klasszikus bélyegek alapján meg nem határozható (éretlen vagy túlérlett termésű kategóriákba tartozók) példányok revíziója a bulliform sejtek számán alapult, mivel az élő példányokon ebben a bélyegben találtuk a legkisebb átfedést. Fenológiai állapottól független biztos határozást garantálni nem lehet, mivel a vizsgált szövettani bélyegek átfedők a két faj között. Ugyanakkor számos példány esetén legalább két bélyeg bevonásával lehetséges az eddigieknél pontosabb azonosítás, tehát a két faj alapvető szövettani hasonlóságai mellett is lehetőség nyílt a klasszikus bélyegekkel már nem azonosítható példányok besorolására. A bulliform sejtek száma stabil, bár részben átfedő eltérést mutat, a szklerenhima köteg fejlettsége pedig tendenciózus eltéréseket. A herbáriumi anyag revízióját nagymértékben segítheti az általunk összeállított határozókulcs, jóllehet még ez sem teszi lehetővé minden esetben a két vizsgált faj herbáriumi példányainak azonosítását.

---

**NDUSF8a gén mutációjának hatása az *Arabidopsis thaliana* stressztűrő képességére**

A növényeket érő stressz hatások közül szinte mind oxidatív stressz kialakulását eredményezi. Ez felboríthatja a növény belső redox-egyensúlyát, s nagy mennyiségű reaktív oxigéngyökök (ROS) termelődhetnek. A növényi ROS képződésében nagy szerepe van a mitokondriumnak és azon belül a mitokondriális elektrontranszport lánc I és III komplexének. A mitokondrium ezáltal jelentős szerepet játszik a sejt redox egyensúlyának fenntartásában is, ezért a mitokondriális fehérjéket kódoló gének mutációjakor változhat a különböző stresszhatásokra adott válasz. Kutatásainkat *Arabidopsis thaliana* modell-növényen végeztük, és a SALK Intézet gyűjteményéből olyan T-DNS inszerciós mutánsok magjait rendeltünk, ahol a mutáció a mitokondriális légzési lánc I és III komplex alkotóit érintette. Ezen növények közül olyan mutánsokat kerestünk, melyek a vad típusú növényekhez képest eltérően reagáltak különböző stressz kezelésekre. A magokat kicsíráztattuk a T-DNS inszerció által hordozott rezisztencia génnek megfelelő szelektív táptalajon, és a túlélő növényeket üvegházba ültettük. Egyedenként mintát gyűjtöttünk róluk, DNS-t izoláltunk és homozigóta vonalakat azonosítottunk. Közel 20 homozigóta vonallal indítottuk el az elsődleges szűréseket, a csírázási teszteket, ahol a különböző stresszhatásokra (NaCl, paraquat, szorbitol) adott eltérő válaszokat kerestük. Ezután 10 vonallal dolgoztunk tovább, melyekkel növekedési teszteket végeztünk, és szekvenálással meghatároztuk a T-DNS beépülés pontos helyét. Két olyan mutánst találtunk, melyekkel érdemes volt élettani vizsgálatokat elvégezni, mivel egyrészt ozmotikus stresszszel szemben, eltérő mértékben ugyan, de toleranciát mutattak, illetve a mutáció az I komplex NADH dehidrogenáz 23 kDa alegységét kódoló génjét érintette mindkét esetben más-más pozícióban. Az általunk ndusf8a-1 és ndusf8a-2-nek nevezett mutánsok oxidatív stresszszel szemben érzékenyebbnak bizonyultak, míg szorbitol kezelés hatására kevesebb H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> képződött, és a lipid peroxidáció mértéke kisebb volt. Az I komplexet érintő mutációk befolyásolhatják a fotoszintézist is, ezért klorofill fluoreszcencia változásokat mértünk különböző stresszkezelések mellett. Ezen mérések eredménye is összhangban volt az előző eredményekkel. A kapott adatokból arra következtethetünk, hogy e két vonal mitokondriális fehérjéjét kódoló gént érintő mutációi befolyásolhatják a különböző stresszeknek kitett növények reakcióját a vad típushoz képest és érdemes ezen növények mélyebb analizálása.

---

**MÜLLER BRIGITTA**

Biológia-környezettan

Osztatlan, 13. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Solti Ádám*

*egyetemi tanársegéd, ELTE TTK*

*Fodor Ferenc*

*egyetemi docens, ELTE TTK*

---

### **A kloroplasztisz burkolómembrán vas-kelát-reduktáz aktivitásának vizsgálata**

A vas a növények fejlődéséhez elengedhetetlenül szükséges, ún. esszenciális tápelem. A vas nélkülözhetetlen szereppel bír a fotoszintézisben, a klorofill-bioszintézisben és más létfontosságú anyagcsere-folyamatokban, a növény fejlődéséhez és az életfunkciók működéséhez is elengedhetetlen. Hiányában a fotoszintetikus aktivitás és a produktivitás csökken, a növény súlyos hiánytüneteket mutat. Jóllehet a vasfelvételi mechanizmusok, a vasfelvétel regulációja és genetikai háttere egyre részletesebben ismert, a vas mozgása a hajtásban, valamint a növényi sejteken belül máig nem tisztázott. A levelek vastartalma 80-90%-ban a kloroplasztiszban lokalizálódik, ezért a kloroplasztiszok vasfelvételi folyamata különös jelentőséggel bír. Mindezek ellenére a folyamat alig ismert. A közelmúltban kimutatták, hogy esszenciális egy vas-kelát reduktáz enzim jelenléte (cFRO; *Arabidopsis thaliana*-ban AtFRO7), amely a  $\text{Fe}^{(III)}$ -kelátok vastartalmát szolubilis (oldható)  $\text{Fe}^{2+}$  ionná redukálja (FCR-reakció). A dolgozatomban azt vizsgáltam, hogy a cFRO enzim hol lokalizálódik a kloroplasztiszok kettős burkolómembrán-rendszerében, milyen enzimatiságokat mutat, illetve hogyan változik meg a működése vashiány hatására.

Vizsgálatainkat nagy tisztaságú cukorrépa (*Beta vulgaris* cv. Orbis) kloroplasztisz burkolómembrán vezikulákon végeztük. A burkolómembrán vezikulákat intakt kloroplasztiszok membránjainak gradiens ultracentrifugálással elválasztott frakcióiból nyertük. A frakciók tisztaságát western blot segítségével ellenőriztük. Az FCR-reakció kizárólag a belső burkolómembránokhoz volt köthető, amelyből az következik, hogy a vizsgált enzim a kloroplasztiszok belső burkolómembránjában helyezkedik el *in vivo*. Mérési adataink alapján a vas-kelát-reduktáz enzim NADPH-val nagyobb hatékonysággal képes redukálni a szubsztrátot, mint NADH-val, tehát *in vivo* valószínűleg a fotoszintézis fényszakaszában termelődő NADPH a reakcióban részt vevő koenzim. A vassal ellátott és vashiányos növényekből izolált belső burkolómembrán vezikulák között az enzim-működés szignifikáns különbséget mutatott: vashiány esetén az enzimaktivitás kettős telítési görbét mutatott. Az alacsony  $K_M$  értékkel jellemezhető szaturáció az enzimnek a szubsztráthoz, vagyis a  $\text{Fe}^{(III)}$ -keláthoz való megnövekedett affinitását jelzi.

---

**SILNICKI ÁDÁM**

erdőmérnök

Osztatlan, 5. félév

Nyugat-magyarországi Egyetem

Erdőmérnöki Kar

*Témavezető:*

*Dr. Bartha Dénes*

*egyetemi tanár, NYME EMK*

---

**Összehasonlító vizsgálatok a magyar kőris (*Fraxinus angustifolia* Vahl subsp. *danubialis* Pouzar) és magas kőris (*Fraxinus excelsior* L.) generatív szervein**

Ebben a tanulmányban a *Fraxinus* nemzetség két hazai képviselőjének generatív szerveit vizsgálja a szerző. A dolgozat első részében felvázolja a magas kőris (*Fraxinus excelsior* L.) és a magyar kőris (*Fraxinus angustifolia* Vahl subsp. *danubialis* Pouzar) elkülönítésének problémáit, rövid áttekintést nyújt a szóban forgó dendrotaxonok rendszertanáról, és ennek segítségével rámutat a virágzat ismeretének fontosságára. Egy áttekintő táblázatban felsorolja a két faj elkülönítéséhez felhasználható bélyegeket, s ezeket a felhasználhatóságuk szerint minősíti. A vizsgálat elsősorban a Rábaköz – Répce-sík menti populációkat érintette. A begyűjtött minta kiértékelését többváltozós statisztikai módszerekkel végezte, külön figyelmet fordítva a mennyiségi és minőségi bélyegek elkülönítésére. A feldolgozás során a hierarchikus klasszifikációt, a főkomponens analízist (PCA), a főkoordináta analízist (PCoA) és a nem metrikus többdimenziós skálázást (NMDS) alkalmazta, melyekkel szemléltette a morfológiai bélyegek, valamint az egyedek kapcsolatrendszerét. Az eredmények segítségével felhívja a figyelmet a virágzat felépítésének döntő jelentőségére. Kiemel olyan egyedeket, amelyeknek a virágzata nem a fajra jellemző felépítéssel bír, s ezzel utat nyit egy újabb vizsgálatsorozat lehetőségének.

---

**SMÍROVÁ LILLA**

Biológus MSc  
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

**ERDEI ANNA LAURA**

Biológus MSc  
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Böddi Béla*

*tanszékvezető egyetemi tanár, ELTE TTK*

---

**A protoklorofillid szerepe a fejes káposzta belső leveleiben lejátszódó fotooxidációs folyamatokban**

A fejes káposzta (*Brassica oleracea* cv. *capitata*) belső leveleiben található protoklorofillid növényélettani szerepét vizsgáltuk. Korábbi munkákban kimutatták, hogy ezekben a levelekben a protoklorofillidnek a monomer, nem közvetlenül fotoaktív formája nagy mennyiségben van jelen. Felvetődik a kérdés, hogy ez a forma más növényekben leírtakhoz hasonlóan itt is kifakulást indít-e el. A kifakulás hatásspektrumát mértük meg a 600-660 nm-es spektrum tartományban 160 minta, szobahőmérsékleten mért emissziós spektrumának számítógépes feldolgozásával. A Gauss komponensek integrál arányainak a változása bizonyította, hogy a 632,5 nm-es protoklorofillid forma váltja ki leghatékonyabban a kifakulást. A folyamat kinetikáját He-Ne lézer (632,8 nm-es) fényével történt megvilágítással is nyomon követtük. A kiváltott fotooxidációs folyamatok körülményeit (oxidációs intermedierek keletkezése, hőmérsékletfüggés, oxigéntartalom csökkentése) vizsgáltuk. A kifakított mintákban megvizsgáltuk a protoklorofillid formák regenerációját. Eredményeink azt mutatják, hogy a protoklorofillid nemcsak a klorofill bioszintézis intermediere, hanem a fotooxidációs folyamatok szenzibilizátora is, így élettani szempontból káros lebomlási folyamatokat is kiválthat. Ezekre a jelenségekre a hétköznapi gyakorlatban is figyelmet kell fordítani.

---

**TUGYI NÓRA**

Biológus

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Kolbert Zsuzsanna*

*egyetemi tanársegéd, SZTE TTIK*

---

**A nitrogén-monoxid és a prolin kapcsolatának vizsgálata *Arabidopsis thaliana* L. növényekben réz stressz alatt**

A redox aktív nehézfémek közül a réz (Cu), mint esszenciális mikroelem fontos szerepet játszik a növények növekedési és fejlődési folyamataiban. A szükségesnél nagyobb koncentrációban viszont toxikussá válik a növények számára, és oxidatív stresszt okoz. A stressz állapotban indukálódó válaszreakciók kialakításában jelentős a jelmolekulaként ismertté vált nitrogén-monoxid (NO), valamint a rendkívül stabil szerkezettel rendelkező aminosav, a prolin. A két molekula kapcsolatáról réz stressz alatt a magasabbrendű növényekben keveset tudunk, ezért dolgozatom célja a NO és a prolin közti interakciók vizsgálata volt.

Kísérleti rendszerünkben vízkultúrában nevelt vad típusú (Col-0) és két prolin bioszintézis mutáns (p5cs1-1 és p5cs1-4) *Arabidopsis thaliana* L. növény vizsgálatát végeztük el. A 4 hetes növényeket 0, 1, 2,5 és 5  $\mu\text{M}$  réz-szulfáttal kezeltük további egy hétig. Kísérleti növényeinkben összehasonlítottuk a réz prolin akkumulációra, a növények morfológiájára, a reaktív oxigén- és nitrogénformák metabolizmusára, valamint a stressz tűrőképességre gyakorolt hatását. A prolin koncentrációt spektrofotometriás módszerrel határoztuk meg, míg a reaktív jelmolekulák szintjét, valamint az életképességet fluoreszcens mikroszkóppal mutattuk ki.

A réz terhelés hatására a prolin tartalom növekedését tapasztaltuk a vad típusú növények hajtásában és gyökerében, ez az akkumuláció viszont elmaradt a p5cs1 mutánsokban. Morfológiai vizsgálatok igazolták a réz növekedés gátló hatását a hajtás- és gyökérrendszerben, amely a prolin hiányos mutánsokban erősebb volt. A vad típusú és a mutáns növények gyökércsúcsaiban is réz-indukált NO szint csökkenést detektáltunk, bár prolin hiányában a gyökerek NO produkciója nagyobb mértékben gátlódott. A peroxinitrit esetében viszont pozitív korrelációt tapasztaltunk a réz terhelés mértéke és a detektált molekula szintje között a prolin szintézis mutánsokban. A szuperoxid gyökánion szintje a vad típusú növényekben nagyobb mértékben nőtt, mint a p5cs1-1 és p5cs1-4 gyökércsúcsokban. A réz stressz csökkentette az életképességet mindhárom vizsgált növénytípusban, de prolin hiányában a sejthalál mértéke kifejezettebb volt.

Ezek alapján elmondható, hogy a réz stressz indukálja a P5CS enzim által katalizált prolin szintézist *Arabidopsis* hajtás- és gyökérrendszerében. A prolin szabályozza a reaktív nitrogén- és oxigénformák metabolizmusát a réz stressz során, továbbá részt vesz a réz tolerancia kialakításában.

---



---

## NÖVÉNYI MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA ÉS GENETIKA

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-343 terem, 9:00-11:15

Zsúri: Dr. Györgyey János, Dr. Endre Gabriella, Dr. Kaló Péter

|             |   |
|-------------|---|
| 9:00-9:15   | <b>Gombos Magdolna</b> (SZTE TTIK): A szervfejlődést szabályozó LOB-domén transzkripciós faktorok génjeinek vizsgálata szálka-perjében  |
| 9:15-9:30   | <b>György Andrea</b> (SZTE TTIK): Búza fuzárium rezisztenciával kapcsolt QTL-ek és rezisztenciagén analógok vizsgálata GK Mini Manó/Frontana DH populációban  |
| 9:30-9:45   | <b>Győrfi Viktória Zsuzsanna</b> (BCE KERTK): Beet cryptic virus 2 kvázispéciesz spektrum térképezése céklában ( <i>Beta vulgaris</i> convar. <i>crassa</i> provar. <i>conditiva</i> )                                      |
| 9:45-10:00  | <b>Horváth Áron</b> (ELTE TTK): Fluoreszcens <i>in situ</i> hibridizációs módszer optimalizálása növény-gomba kölcsönhatások vizsgálata   |
| 10:00-10:30 | szünet  |
| 10:30-10:45 | <b>Képiró Anikó</b> (SZTE TTIK): A paraquat hatásának vizsgálata növényi mitokondriumokon   |
| 10:45-11:00 | <b>Páldi Katalin, Ludman Márta</b> (ELTE TTK): Az S-metilmetionin (SMM) hatása kukoricában és paradicsomban hidegstressz esetén   |
| 11:00-11:15 | <b>Zelenyánszki Helga, Lukács Márk Sebestyén,</b> (ELTE TTK): Genetikailag módosított árpa ( <i>Hordeum vulgare</i> L.) fenotípusos jellemzése <i>Arabidopsis thaliana</i> <i>uvr8</i> gén maghéjspecifikus expressziójával |

---

---

**GOMBOS MAGDOLNA**

Biológus

MSc, 10. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Györgyei János*

*tudományos főmunkatárs, MTA SZBK Növénybiológiai Intézet*

---

### **A szervfejlődést szabályozó LOB-domén transzkripciós faktorok génjeinek vizsgálata szálkaperjében**

A magasabb rendű növények folyamatos növekedését új szervek egész életen át tartó létrehozásának képessége biztosítja. Ez az egyedülálló sajátosság felelős a kifejlett növény hajtásrendszerének és gyökérarchitektúrájának a kialakításáért, köszönhetően az indeterminált sejtek megőrzésének és elhatárolásának a már differenciálódott, szerveket felépítő sejtectől. Ezt, a megfelelő fejlődési program szempontjából nélkülözhetetlen morfológiai határt molekuláris szinten specifikus transzkripciós faktorok (mint pl. JLO, CUC, KNAT és LOB) alakítják ki.

A *Lateral Organ Boundary* (LOB vagy LBD) gének családja egy, csak növényekre jellemző, konzervált, szervhatárokon működő népes transzkripciós faktor családot takar. Habár bizonyítottan részt vesznek szinte minden fejlődési folyamatban az embriogenezistől a termésképzésig, pontos szerepüket mindezidáig csak néhány esetben sikerült meghatározni. Emellett a rendelkezésre álló információk nagy része *Arabidopsis*-szal végzett kísérletekből származik, az egyszikűekben betöltött funkciójukról alig vannak ismereteink.

Kutatásaink két olyan LBD génre irányultak, melyekről feltételezzük, hogy az oldalgyökerek képződésével és a sejtciklus szabályozásával is kapcsolatba hozhatók. Nevezetesen a Bd2g53690 és a Bd2g34520 génekről van szó. Kísérleteinkben ennek a két génnek az expressziós mintázatát kívántuk felderíteni egy, az elmúlt 10 évben széles körben ismertté vált modellnövény, a szálkaperje (*Brachypodium distachyon*) segítségével. Különböző növényi szövetekben, a gyökércsúctól egészen a hajtáscsúsig, vegetatív és generatív szervekben egyaránt vizsgáltuk kvantitatív, valósi idejű PCR (*Quantitative Real-Time Polymerase Chain Reaction*) analízissel a két gén transzkripciós szintjét. Továbbá összefüggéseket kerestünk ezen gének és a *Brachypodium* adatbázisból ismert egyetlen A2 típusú ciklinjének kifejeződési mintázata között.

Az ehhez hasonló, alapvető kísérletek bepillantást engednek a szervfejlődésben részt vevő molekuláris mechanizmusokba, és közelebb visznek a növényi morfogenezis genetikai hátterének megértéséhez.

---

**GYÖRGY ANDREA**

Biológus

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Szabó-Hevér Ágnes*

*tudományos segédmunkatárs, Gabonakutató Nonprofit Közhasznú Kft.*

*Dr. Mesterházy Ákos*

*tudományos igazgatóhelyettes, Gabonakutató Nonprofit Közhasznú Kft.*

---

**Búza fuzárium rezisztenciával kapcsolt QTL-ek és rezisztenciagén analógok vizsgálata GK Mini Manó/Frontana DH populációban**

A kalászfuzáriózis a kalászos gabonáink – köztük a búza (*Triticum aestivum* L.) – egyik legsúlyosabb károkat okozó betegsége.

Munkánk során, a Frontana brazil tavaszi búzafajta fuzárium rezisztenciájának molekuláris hátterét vizsgáltuk. A legtöbb Frontana rezisztenciájának hátteréről szóló közleményben bizonyítottan fuzárium rezisztenciával kapcsolt QTL-t (*quantitative trait locus*, mennyiségi tulajdonságot meghatározó lókusz) hordozó 3A, 5A és 6B kromoszómák térképezését végeztük el a GK Mini Manó/Frontana dihaploid (DH) térképező populációban, SSR (*simple sequence repeat*, mikroszatellit) és DArT (*diversity arrays technology*) markerek segítségével. A növényi anyagot két kísérleti év során összesen hat epidémiái szituációban teszteltük *Fusarium culmorum* és *Fusarium graminearum* izolátumokkal szántóföldön. A fuzárium rezisztencia mértékének jellemzésére kalászfertőzöttség, szemfertőzöttség és dezoxinivalenol (DON) tartalmat is vizsgáltunk. A QTL térképezés mellett elvégeztük különböző rezisztenciagén analóg polimorfizmus (RGAP) markerek meghatározására használt, rezisztenciagén analóg (RGA) primerek tesztelését a két szülőn, és a populáció hét fogékony és hét rezisztens vonalán.

A vizsgált három kromoszómán öt QTL régiót sikerült azonosítani. Az 5A és 6B kromoszómán található két QTL mutatott kapcsoltságot kalászfertőzöttséggel, szemfertőzöttséggel és DON tartalommal is. Ugyanezek a kromoszómák további két olyan QTL-t azonosítottunk, amely csak DON tartalommal volt összefüggésben, míg kalász- és szemfertőzöttséggel nem, vagy csak gyenge kapcsoltságot mutatott. Térképezési munkánk során, a 3A kromoszómán korábban leírt Frontana eredetű QTL jelenlétét sikerült bebizonyítanunk, ám ez utóbbi QTL csak a DON tartalommal mutatott következetes kapcsoltságot. A Frontana fuzárium rezisztenciájának molekuláris hátterének pontosabb megértéséhez a RGA primerektől várunk további segítséget.

---

**GYÖRFI VIKTÓRIA ZSUZSANNA**

Kertészmérnök

BSc, 5. félév

Budapesti Corvinus Egyetem

Kertészettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Hinel Sándor*

*PhD-hallgató, BCE KERTK*

*Dr. Szegő Anita*

*egyetemi adjunktus, BCE KERTK*

---

***Beet cryptic virus 2 kvázispéciesz spektrum térképezése céklában (Beta vulgaris convar. crassa provar. conditiva)***

A növényi kriptikus vírusok napjainkig kivételt képeznek a vírusok között, mivel látható tüneteket nem okoznak, így jelenlétük legtöbbször rejtve marad. Evolúciós eredetüket homály fedi és gazdanövénytől való kölcsönhatásuk mibenléte nem ismert. A legújabb eredmények szerint vélhetően a horizontális géntranszfer során kerülhettek a növénypatogén gombákból a növényi sejtekbe. Kutatócsoportunkban Szegő Anita és munkatársai meghatározták a BCV1 és a BCV2 teljes szekvenciáját (Szegő, 2009). A tanszék eddigi munkafolyamatait folytatva a Beet cryptic virus 2 genomi dsRNS szegmenseit sikeresen izoláltuk a Bíborgömb nevű céklafajtából.

A céklából izolált BCV2 RdRp (*RNA-dependent RNA polymerase*) és CP1 (*Capsid Protein 1*) fehérjekódoló régióját sikeresen lefedtük két-két, High Fidelity Taq polimerázzal készült PCR termékkel. A céklából izolált RdRp szekvencia kódoló régiójában 5 nukleotid eltérést mutattunk ki a cukorrépa BCV2-höz képest, ezek közül 3 okozott aminosav cserét. Ezen aminosav cserék nem érintették a *Partitiviridae* családra jellemző RdRp motívumokat. A céklából izolált CP1 szekvencia kódoló régiójában 7 nukleotidcserét mutattunk ki, mely közül mindössze kettő okozott aminosav cserét és egyik sem a konzervált régiókban található. A céklából izolált CP2-a jelű szegmens közel 500 bázispáros szekvenciáját is meghatároztuk, melyben 4 nukleotidcserét tapasztaltunk a cukorrépa BCV2 CP2-höz viszonyítva, de ezek egyike sem okozott aminosav cserét, mind csendes mutáció csupán.

Kísérletet tettünk endogenizálódott kriptovirális szekvenciák kimutatására is a cékla genomi DNS-éből, mely dolgozatom keretében még nem zárult le, de prediktálható – kriptikus vírusok nagyfokú elterjedtsége és a gazdanövénytől való hosszas együttélés révén –, hogy hamarosan teljes bizonyossággal jelenthetjük ki kriptovírus szekvenciák jelenlétét a növényi genomban.

Összefoglalóan megállapítható, hogy meghatároztuk a céklában található BCV2 RdRp és CP1 fehérjekódoló régiójának aminosav szekvenciáját, az eltéréseket összevetettük a legközelebbi rokon vírusokkal és elemeztük az aminosav cseréket. Továbbá meghatároztunk a CP2 1522 bp-os dsRNS-ének szekvenciájából 513 bp-t, ez közel lefedi a fehérje kódoló régió felét, viszont itt csak csendes mutációkra bukkantunk.

A közeljövőben további céklafajtákat és más *Beta* fajokat is vizsgálni fogunk, valamint befejezzük a fent említett CP2 teljes kódoló régiójának lefedését.

---

**HORVÁTH ÁRON**

Biológus  
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Vági Pál  
egyetemi tanársegéd, ELTE TTK*

---

**Fluoreszcens *in situ* hibridizációs módszer optimalizálása növény-gomba  
kölsönhatások vizsgálatára**

Fluoreszcens *in situ* hibridizációs (FISH) módszert optimalizáltunk *in vitro* inokulált és terepen gyűjtött gyökérminták szimbionta gombapartnereinek azonosítására és vizsgálatára. Ehhez két gyakori gyökérkolonizáló gomba riboszómális RNS-ére tervezett, fluoreszcensen jelölt egyszálú DNS oligonukleotid próbát használtunk. Így a target organizmusban az elszórtan elhelyezkedő sejtmagok helyett a citoplazmában detektálható jelet kaptunk. Ennek alkalmazhatóságát teszteltük akár 120 µm vastagságú gyökérmetszetek belsejében elhelyezkedő gomba eredetű struktúrák megjelölésére. A viszonylag vastag metszeteket konfokális lézer pásztázó mikroszkóppal vizsgáltuk a háromdimenziós szerkezetük rekonstruálására.

Annak érdekében, hogy a módszer kellő mértékű specificitással működjön, belekezdtem két RNS-FISH recept paramétereinek optimalizálásába. Erre a célra a terepi minták túlságosan bizonytalan rendszernek bizonyultak, ezért a jelölés megfelelő körülményeinek beállítását folyadékkultúrában sterilen fenntartott, tiszta micéliumon végeztem. Ebben az egyszerűsített rendszerben sikerült a lényeges paraméterek optimumát megtalálni. Ezek alkalmazhatóságát a terepi mintákon is teszteltem.

Munkám során optimalizáltam egy olyan RNS FISH protokollt, amelynek alkalmazásával a jövőben lehetővé válik növény-gomba interakciók résztvevőinek szimultán, specifikus azonosítása.

---

**KÉPIRÓ ANIKÓ**

Biológia BSc

BSc, 12. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Zsigmond Laura**tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

---

**A paraquat hatásának vizsgálata növényi mitokondriumokon**

Az oxidatív stressz okozta változások következményeit már évek óta kutatják növényi mitokondriumokban. Különböző kutatások eredményei azt is valószínűsítik, hogy a paraquat, mely oxidatív stressz kiváltója lehet, befolyásolja a mitokondrium működését. Az általa kifejtett hatás mitokondriumon belüli pontos helyére még nem sikerült rábukkanni, ezért munkálataink célja az volt, hogy közelebb jussunk a probléma megoldásához. A paraquat az egyik legelterjedtebb herbicid volt a világon. Olyan mérgező, mely ellen nincs ellenszer, felszívódása a szervezetben pedig biztos halált okoz. Az oxidatív stresszt azáltal válthatja ki, hogy elektront felvéve gyökké alakul a fotoszintézis I-es fotorendszerének redukáló oldalán, molekuláris oxigénnel reagálva pedig szuperoxid-anion gyököket generál. Állati szervezetekben már évtizedek óta tanulmányozzák a paraquat mitokondriumra gyakorolt hatását. Növényeknél is elterjedt körben alkalmazzák oxidatív stressz kiváltására, eddig hatásmechanizmusát leginkább csak a kloroplasztiszban tanulmányozták. Valószínűleg a mitokondriális elektrontranszport láncot befolyásolja az állati és növényi szervezetek hasonlósága alapján, bár a növények mitokondriális légzése részben különbözik az állatokétól. Dolgozatomban különböző mérési módszerekkel vizsgáltam ezen gátló herbicid hatását sötétben nevelt *Arabidopsis thaliana* teljes növény eredetű sejtszuspenziós kultúrából izolált mitokondriumon. A hidrogén-peroxid tartalom látható növekedést mutatott, a különbség pedig jobban észlelhető volt az izolált mitokondriumban, mint a teljes sejtszuspenziós kultúrában. A szuperoxid-dizmutáz aktivitása is megnőtt a sejtekben és a mitokondriumokban, ezáltal hatástalanítani tudta hidrogén-peroxid képződése mellett a szuperoxid gyököket. Az aszkorbát-peroxidáz szint is megnövekedett az oxidatív stressz hatására a mitokondriumokban, redukálni tudta a hidrogén-peroxidot, vagyis aszkorbinsavat felhasználva elektrondonorként, sikeresen kioltotta a reaktív oxigén gyököket. A glutation-reduktáz aktivitása is növekedést mutatott. A citokróm c oxidáz működése is fokozódott az elektron transzportlánc IV komplexében. Az elektron transzportlánc komponensei is nagyobb aktivitást mutatnak paraquat hatására. Kísérleteinkből kiderült, hogy a paraquat egyértelműen oxidatív stresszt okoz sötétben a sejtszuspenziós kultúrában, aminek a kiindulási helye a mitokondrium volt, ezáltal is sikerült alátámasztanunk az évek óta erről szóló feltételezéseket.

---

**PÁLDI KATALIN**

Biológus Msc  
MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

**LUDMAN MÁRTA**

Biológus  
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Rácz Ilona*

*egyetemi docens, ELTE TTK*

*Rudnóczy Szabolcs*

*egyetemi tanársegéd, ELTE TTK*

---

**Az S-metilmetionin (SMM) hatása kukoricában és paradicsomban hidegstressz esetén**

A paradicsom és a kukorica a legjelentősebb gazdasági növényeink közé tartoznak. Trópusi eredetük miatt az alacsony hőmérséklet számos ponton károsíthatja az anyagcsere-folyamataikat, ami csökkenti a növények termőképességét. Az SMM – ami egy természetes, kéntartalmú nem proteinogén aminosav – a korábbi kutatások szerint sikerrel alkalmazható egyes stresszhatások esetén a növényt ért károsodások csökkentésére.

Az SMM a metionin anyagcserével való kapcsolata miatt serkentheti a stresszvédő poliaminok szintézisét és a fenoloidok termelődésére is pozitív hatással lehet. Munkánk során arra kerestük a választ, hogy SMM exogén adagolásával megfigyelhető-e a fotoszintetikus paraméterek javulása, illetve a stresszvédő poliaminok és fenoloidok mennyiségének növekedése. Ehhez fluoreszcencia indukciós méréseket végeztünk, illetve meghatároztuk a kukorica esetében az összes fenoloid és antociántartalmat, míg a paradicsomnál az univerzális poliaminok mennyiségét. Emellett kvantitatív real-time PCR technika alkalmazásával megvizsgáltuk az említett vegyületek szintézisútvonalaihoz tartozó enzimek génexpresszió változásait is.

A hidegkezelt minták esetében mindkét növénynél az exogén SMM hatására jelentősen javult a fotoszintetikus hatékonyság, megnőtt a vizsgált stresszvédő anyagok szintéziséért és azok szabályozásáért felelős gének expressziója, valamint a működésük eredményeként keletkező metabolitok mennyisége is.

Eredményeink alátámasztják, hogy az SMM alkalmas lehet a növényt érő stresszhatások csökkentésére.



---

**ZELENYÁNSZKI HELGA**

Biológus MSc

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

**LUKÁCS MÁRK SEBESTYÉN**

Biológia BSc

BSc, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Éva Csaba*

*doktorjelölt, ELTE TTK*

*Dr. Tamás László*

*egyetemi docens, ELTE TTK*

---

**Genetikailag módosított árpa (*Hordeum vulgare* L.) fenotípusos jelölése  
*Arabidopsis thaliana uvr8* gén maghéjspecifikus expressziójával**

A transzgénikus növények megkülönböztetése a nem transzgénikusoktól minden esetben elvárt. Egy jó látható vizuális marker segítségével megakadályozható lenne, hogy a transzgénikus növények nem kívánatosan kerüljenek a köztermesztésbe. Munkánk célja olyan transzgénikus árpa előállítás, amelynek szemtermése ránézésre megkülönböztethető vad típusú fajtáraiétól. Létrehoztunk két stabil transzformációra alkalmas kazettát, amelyek az árpa germin gének promóterei révén biztosíthatják az *A. thaliana uvr8* gén szemtermés-héj specifikus expresszióját. Az *uvr8* gén az UV-B védelemben játszik szerepet, amely védelem fontos tényezője az antociánok felhalmozása. Az antociánok élénk színe, ezért alkalmazhatóak vizuális markerként. Az első konstrukciónál az árpa germinB, a másodiknál a germinF mögé építettük be az *arabidopsis uvr8* génjét. Konstrukcióinkat agrobaktérium közvetítette transzformációval juttattuk éretlen árpaembriókba, ezekből kallusztényesztet hoztunk létre, amelyből antibiotikus szelekcióval növényeket regeneráltunk. Mindkét konstrukcióval több független transzgénikus vonalat állítottunk elő. Igazoltuk a promóterek szemtermés-héj specifikus expresszióját. Munkánk legfontosabb eredménye, hogy az eddig gyári fitotron kamrákban (extra UV-B megvilágítás nélkül) nevelt transzgénikus növények szemtermései láthatóan különböznek az azonos körülmények között nevelt vad típusútól. Vizsgáltuk az antocián- és karotinoidszint változását szemtermés-héjban a kalász érése során. GUNB konstrukcióval transzformált növények esetében magasabb antociánszintet mértünk a kontrollhoz képest, amíg a GUNF konstrukcióval transzformált növények esetében alacsonyabbat. A kontroll növényekben a transzgénikusokénál magasabb karotinoid szint volt mérhető. Jelenleg folyamatban vannak a transzgénikus növények további vizsgálatai: antocián- és karotinoidszint mérések folytatása, antioxidáns enzimek mérése, UV-B kezelések és ezek hatásának vizsgálata. Munkánk során létrehoztunk olyan transzgénikus árpa növényeket, amelynek szemtermése ránézésre megkülönböztethető vad típusú fajtáraiétól. Kimutattuk, hogy még a teljesen érett fejlődési állapotban is több antocián volt a transzgénikus növények szemtermés-héjában, így hosszabb tárolás esetén is megmaradhat a jelölő értéke. A génkonstrukciónk alkalmas lehet például ehető vakcinát termelő transzgénikus növények jelölésére, amelyeknél különösen fontos a költséghatékonyság, valamint a kontrollált termesztési és felhasználási körülmények.

---

---

## NÖVÉNYÖKOLÓGIA

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, Bartucz Lajos terem, 8:00-11:30

Zsúri: Prof. Dr. Oborny Beáta, Dr. Kalapos Tibor, Dr. Bartha Sándor

- |             |   |
|-------------|---|
| 8:00-8:15   | <b>Bakacsy László</b> (SZTE TTIK): A klonalitás szerepe a növényi inváziókban, az <i>Asclepias syriaca</i> L. klónstruktúrájának vizsgálata                           |
| 8:15-8:30   | <b>Burján Evelin</b> (NYF TTIK): A parlagfű ( <i>Ambrosia artemisiifolia</i> L.) szerveinek és pollenjének morfológiája és a környezetszennyezés kapcsolata           |
| 8:30-8:45   | <b>Gáspár Bence</b> (ELTE TTK): Inváziós és őshonos fásszárú növények AMF-közösségének összehasonlítása mikroskálán   |
| 8:45-9:00   | <b>Kovács Dániel</b> (PTE TTK): Vasutak és műutak flóra homogenizáló hatása Pécssett  |
| 9:00-9:15   | <b>Kovács Szilárd</b> (SZTE TTIK): A homoki ternye ( <i>Alyssum tortuosum</i> ) magyarországi populációinak vizsgálata RAPD markerek segítségével                     |
| 9:15-9:30   | <b>Kovácsnai-Oláh Richárd, Kovács Zoltán</b> (DE TTK): Két évtizede regenerálódó mészkerülő homoki legelő vegetáció és magkészlet felmérése                           |
| 9:30-10:00  | szünet  |
| 10:00-10:15 | <b>Lovas-Kiss Ádám, Mizsei Edvárd</b> (DE TTK): Az <i>Anacamptis palustris</i> subsp. <i>elegans</i> szaporodásbiológiája   |
| 10:15-10:30 | <b>Löki Viktor, Lovas-Kiss Ádám</b> (DE TTK): Az egyhajúvirág ( <i>Colchicum bulbocodium</i> Ker. Gawl.) újlétai populációjának fényigény vizsgálata                  |
| 10:30-10:45 | <b>Németh Julianna</b> (ELTE TTK): A rozmaringlevelű fűz ektomikorrhiza gombáinak vizsgálata félszáraz homokpusztagyepen  |
| 10:45-11:00 | <b>Sonkoly Judit</b> (DE TTK): A reprodukciós siker vizsgálata két hazai orchideafajnál   |
| 11:00-11:15 | <b>Szakály Ágnes</b> (ELTE TTK): A szöcei tőzegmohás láprétek aktuális botanikai állapotfelmérése   |
| 11:15-11:30 | <b>Löki Viktor, Lovas-Kiss Ádám, Takács Attila</b> (DE TTK): Az európai közösségű jelentőségű Gussone-látonya ( <i>Elatine gussonei</i> ) új előfordulása Szicíliában |

---

---

**BAKACSY LÁSZLÓ**

Biológus MSc

MSc, 10. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Bagi István*

*egyetemi docens, SZTE TTIK*

---

**A klonalitás szerepe a növényi inváziókban, az *Asclepias syriaca* L.  
klónstruktúrájának vizsgálata**

Az *Asclepias syriaca*, selyemkóró a magyar flóra egyik legagresszívebb, erősen terjedő, élőhelyein társulásromboló (transzformer) tulajdonságú adventív növénye. Szaporodása a természetközeli élőhelyeken alapvetően vegetatív úton történik. Terjedése különösen intenzív a degradáltabb, vagy átmeneti jellegű növényzetben, így az általa elfoglalt területeken akadályozhatja a természetközeli társulások regenerációját. Az *Asclepias syriaca* vizsgálatára a Kiskunsági Nemzeti Park homoki területein került sor. A vizsgálat hat selyemkóró klón jellegzetességeinek összehasonlítása, a klónok 1995 és 2009 között mutatott változásai alapján. Az egyes klónok esetében a következő adatokat rögzítettük: hajtások helyzete 5-10 cm-es pontossággal, hajtások vitalitására utaló jellemzők, rajtuk kifejlődött termések száma. A klonális struktúra fő jellemzői a következők: genetikailag azonos, egy egyedből vegetatíván létrejövő klón neve a genet. A genet ismétlődő egységekből áll, ezek egyrészt az első létrejövő növényhez alakilag hasonló rametek, melyek legtöbbször önállóan is megélni képes funkcionális egységek, másrészt a klón terjedését, és a rametek közötti összeköttetést biztosító szpészerek. A selyemkóró esetében a rameteket földalatti szpészerek, tarackgyökerek kötik össze, a rametek gyakran nem csak magányosan, hanem néhány hajtásból álló csoportokat alkotnak. A vizsgálatok legfontosabb eredményei a következők: 1) Az értékelte klón esetében a rametek száma 14 év alatt közel háromszorosra nőtt. 2) A klónok növekedése sokkal intenzívebb a kevésbé természetes vagy átmeneti vegetáció típusokban. 3) A terjedést nagyban lassítják a különösen szélsőséges mikroklimatikus viszonyokkal bíró természetes homoki növény-társulások. 4) A klónok mintázatai és az azokat felépítő alapelemek gyakorisága nem változott. 5) A klónok vitalitási értékei nem mutattak változást. 6) A rametcsoportokban a hajtás szám jelentősen csökkent, míg ezzel párhuzamosan a magányos rametek száma nőtt, a jelenség az eredetileg is nagyobb klónok esetében kevésbé karakterisztikusan nyilvánult meg. A klonális plaszticitásban tehát fontos szerepe lehet egy denzitásfüggő autoregulációs mechanizmusnak. Természetvédelmi szempontból fontos kiemelni, hogy a kedvezőtlen környezeti feltételek ellenére a selyemkóró klónok növekedése hosszútávon folyamatosan növekedő tendenciát mutat, ezáltal az inváziós növény az értékeesebb nyílt homoki gyepeket is veszélyezteti.

---

**BURJÁN EVELIN**

Biológia

BSc, 5. félév

Nyíregyházi Főiskola

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dobróné Dr. Tóth Márta*

*főiskolai docens, NYF TTIK*

---

**A parlagfű (*Ambrosia artemisiifolia* L.) szerveinek és pollenjének morfológiája és a környezetszennyezés kapcsolata**

A parlagfű pollen légköri koncentrációja és az allergiában betöltött szerepe mellett nem elhanyagolható tényező a környezetszennyezés és a pollen által kiváltott allergiás reakciók fokozódása közötti kapcsolat. Irodalmi adatok igazolják, hogy tolerálja a talaj nehézfém szennyezését is. A talaj kadmium-, réz-, nikkel- és cinktartalmának növekedésével nő a gyökerek, levelek és porzós virágzatok kadmium-, réz-, nikkel- és cinktartalma. Az azonos mintavételi időben gyűjtött pollen hidratált és a dehidratált formáinak egymáshoz viszonyított mennyisége a talaj nehézfém-tartalmának függvényében változik. Vizsgálatainkban arra kerestük a választ, hogy réz és kadmium kezelés hatására megfigyelhető-e morfológiai változás a növény különböző részein (gyökér, a szár, a levél, virágzat és pollen) és ha igen milyen mértékű. Vizsgálataink során vízkultúrák kísérletet alkalmaztunk. A virágporaszemek morfológiáját sztereomikroszkóppal és elektronmikroszkóppal tanulmányoztuk.

Mivel a közlekedésből, az ipari és a mezőgazdasági tevékenységből származó szennyezőanyagok nagy része a környezetünkbe kerül, ezért összehasonlítottuk a mezőgazdasági területről, iparterületről és ruderaliáról származó virágporaszemek morfológiáját és életképességét.

A parlagfű gyökér, szár- és virágzati tengelyének hosszúsága rézkezelés hatására a kontrollhoz képest szignifikánsan csökkent. A növény nedves és száraztömegére vonatkoztatott értékek mind réz mind a kadmium kezelésnél kisebbek a kontrollhoz képest. Valamennyi vizsgált növényi szerv esetében a pollen morfológiája a kadmium és réz kezelés hatására változott. A kontroll parlagfűvek pollenmintáiban a deformált pollen átlagos száma nem éri el a 10%-ot. A kadmiummal kezelt növényeknél több, mint 40%-ban deformáltak a virágporaszemek. A réz kezelés hatására a pollendeformáltság meghaladja az 50%-ot.

A környezetszennyezésnek erősebben kitett területeken a parlagfű pollen morfológiai változása szintén megfigyelhető volt. A ruderaliáról származó pollenmintákban az átlagos deformált pollenszám 40%-os. Szignifikánsan nagyobb értékeket kaptunk az iparterületről és a mezőgazdasági területről származó mintáktól. A deformált pollen mennyiségével korrelál a vitalitásvizsgálat eredménye. A ruderaliáról származó virágporaszemek prolin koncentrációja volt a legkisebb.

Eredményeink felhívják a figyelmet, hogy a környezetszennyezés befolyásolja a pollen-morfológiát, hatással van a virágporaszemek életképességére, ami módosíthatja az allergiás tüneteket.

---

**GÁSPÁR BENCE**

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Kovács M Gábor*

*egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

---

**Inváziós és őshonos fásszárú növények AMF-közösségének összehasonlítása  
mikroskálán**

Az arbuszkuláris mikorrhizaképző gombák (AMF-ek) ~230 faja a szárazföldi növényfajok több mint 80%-ával áll mutualista szimbiózisban. A növény szolgál a gomba egyedüli szénforrásául, a gomba pedig segíti a növény ásványianyag- és vízellátását. Az AMF-ek az egész Földön elterjedtek; jelentőségük a tápanyagszegény és (fél)száraz területeken kiemelkedő. Csoportunk többek között félszáraz területek idegen- és őshonos növényeinek AMF-közösségeit kutatja. Ezek összevetésével meg lehet határozni a generalista gombapartnereket, melyek későbbi funkcionális vizsgálatokhoz szükségesek.

Tatárszentgyörgyi mintavételi területünkön az őshonos boróka (*Juniperus communis*) és az inváziós bálványfa (*Ailanthus altissima*) AMF-eit vizsgáltam. A mintavétel során olyan kis térfogatú (250 ml) mintákat vettünk, ahol a két növény gyökerei szorosan összefonódtak, ezért feltehető, hogy az AMF-közösségeik különbségeért egyedül a növényfaj felel, és a heterogén környezeti változók hatását kiküszöböltük.

A gyökerekből kivont DNS-ből, AMF-specifikus primerekkel szaporítottam fel egy szakaszt a gombák nrDNS-ének nagy alegységéből. Egy mesterséges AMF-közösség előzetes vizsgálata alapján 4 különböző primerrendszerből választottuk ki a leghatékonyabbat. A minták klónozása és szekvenálása után 600 megfelelő minőségű szekvenciához jutottam, melyek 3%-os különbségű küszöbérték mellett 70 csoportba (MOTU) rendeződtek az elemzések során. Ez a 70 taxon több, mint a területről eddig spórák és riboszomális kis alegység génje alapján ismert fajgazdagság. A legtöbb szekvencia környezeti mintákból ismertekkel mutatott hasonlóságot, dominánsak voltak a *Funneliformis* és *Rhizophagus* (egykori *Glomus*) nemzetségek, de a *Glomeromycota* törzs típusfaja, a *Glomus macrocarpum*, valamint a bazális *Paraglomus majewskii* – mely leírásában csoportunk is részt vett – szekvenciáit is kimutattam.

A taxonok megoszlásáról elmondható, hogy a nagy számban reprezentáltakat mindkét fajban előfordultak, de akadtak olyan kládok, melyek csak az egyik faj gyökeréből voltak kimutathatók. A nagy, generalista taxonokon belül elkülönült pár olyan klád, melyek csak az egyik növényből származtak. Eredményeim alapján a *Funneliformis constrictus*, *Rhizophagus intraradices* és *Rhizophagus irregularis* mutatkoztak generalistának; ezek lennének potenciálisan felhasználhatók funkcionális kísérletekhez.

---

**KOVÁCS DÁNIEL**

Biológus

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Csiky János**egyetemi docens, PTE TTK**Lengyel Attila**PhD-hallgató, ELTE TTK*

---

**Vasutak és műutak flóra homogenizáló hatása Pécssett**

A vasutak és műutak szegélyeinek fajgazdagságával, flóra homogenizáló szerepével, a város és vidék közti fajgazdagsági grádiens jellemzőivel újabban egyre több nemzetközi tanulmány foglalkozik. Hazánkban e témában azonban meglehetősen kevés botanikai publikáció jelent meg. Pécs raszterhálós flóratérképezésére és az irodalmi adatokra támaszkodva, a város és szűkebb környezetében található vasút illetve műút hálózat meghatározott szakaszainak florisztikai felmérése alapján vizsgáltuk, hogy

1. mennyire gazdagok edényes növényfajokban a 4,5 ill. 1 m szélességben felmért vasút- és műútszakaszok?
2. A megtalált fajok között milyen mennyiségben fordulnak elő ritka, vörös listás és/vagy védett növények?
3. Kimutatható-e florisztikai homogenizáció a vizsgált vonalas létesítmények mentén, s ha igen, akkor a műutak esetében ez összefüggésbe hozható-e az urban-rurális grádienssel, a ki- és befelé tartó forgalommal vagy a magterjesztési tulajdonságokkal?

A fenti problémákat durvább ( $\sim 10^3 \text{ m}^2$ ) és finomabb ( $4 \text{ m}^2$ ) térléptékben is vizsgáltuk. Kimutattuk, hogy a vasutak és műutak flórája hazai és országos viszonylatban is meglehetősen fajgazdag. A műutak szegélyében több védett és vörös listás faj található, mint a vasúti kavicsagyakon. A védett fajok többsége szempontjából a műutak nem tekinthetők zöld folyosónak, eredeti élőhelyeiktől távolodva a szegélyekből eltűnnek. A vasutak durvább, a műutak durvább és finomabb léptékben is jelentős flóraszűrő hatással bírnak. A műút menti finomabb léptékű felmérések alapján a leggyakoribb fajok általában őshonos, ruderalis növények. Durvább léptékben a vasutak nem, a műutak a vártnál nagyobb mértékben járulnak hozzá a  $\beta$ -diverzitás távolságfüggő csökkenéséhez. Kimondható, hogy a von der Lippe & Kowarik féle hipotézis Pécs esetében, az általunk választott léptékben, az elvégzett felmérések és elemzések alapján nem igazolható, azaz a műutak mentén a városból kifelé tartó forgalom esetében, a befelé tartó forgalomhoz képest finomabb léptékben nem bizonyítható az erőteljesebb taxonómiai homogenizációs hatás.



---

**KOVÁCS SZILÁRD**

Biológus

MSc, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Endre Gabriella*

*tudományos főmunkatárs, SZTE TTIK*

---

**A homoki ternye (*Alyssum tortuosum*) magyarországi populációinak vizsgálata  
RAPD markerek segítségével**

A homoki ternye (*Alyssum tortuosum*) 8, homoki buckán élő populációját vizsgáltuk RAPD módszer segítségével és arra próbáltunk fényt deríteni, hogy az emberi zavarásoknak kitett és kisebb egyedszámú populációk mennyire különülnek el a nagy egyedszámú és emberi zavarásoktól mentes szentély jellegű populációktól. Emellett monitoroztuk a faj populáción belüli és a populációk közötti genetikai biodiverzitását. A 8 populáció közül 3 képviselte a szentély területeket, 3 a közepesen zavarott területeket és 2 az erősen degradálódott kis egyedszámú populációkat.

Vizsgálataink során 149 RAPD markert sikerült detektálnunk, melyek közül 117 (78,5 %) mutatott polimorfizmust a populációk között, míg a populáción belüli polimorf fragmentek aránya átlagosan 15,2 % (SD: 4,12) volt. A Nei-féle genetikai távolság (hasonlóság) a populációk között 0,59 – 0,86 volt, míg a populációkon belül 0,88 és 0,95 között változott.

A populációk összehasonlítására UPGMA, *Neighbour Joining* dendrogrammokat készítettünk és PCO tesztet végeztünk el, és mindhárom esetében elkülönültek a szentély területek a zavarásnak kitett területektől, ezen belül is a két degradált populáció minden esetben egymáshoz közel került. MANTEL tesztet végeztünk el a földrajzi és genetikai távolság korrelációjának vizsgálatára, és nem mutattunk ki pozitív korrelációt, mely az előbbi tesztekkel kapott eredményeket megerősíti, miszerint a zavarás hatására a populációk elkülönülnek genetikai állományukban.

---

**KOVÁSZNAI-OLÁH RICHÁRD**

Biológia

BSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

**KOVÁCS ZOLTÁN**

Biológia

BSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Matus Gábor*

*egyetemi docens, DE TTK*

---

**Két évtizede regenerálódó mészkerülő homoki legelő vegetáció és magkészlet  
felmérése**

1990-es években lúdtartással degradált nyírségi védett homoki legelőinek vegetációját, talaj magkészletét és talajtani jellemzőit mértük fel. Területenként öt illeszkedő,  $4\text{ m}^2$ -es állandó kvadrát vegetációját 2012-ben három aspektusban mértük fel. Magkészlet mintákat ugyanebben az évben vettük. A talaj furatokat alsó és felső rétegre választottuk szét, csíráztatási vizsgálatot hajtottunk végre. A meg nem határozható csíranövényeket átültettük és a szabadban neveltük. További talajmintákban pH-t, humusz, P, K és  $\text{NO}_2/\text{NO}_3$  tartalmat határoztunk meg. Az eredményeinket azonos módszerekkel, 2002-ben végzett felmérés eredményeivel vetettük össze.

A szukcesszió második évtizedében a következő változásokat vártuk: 1) a vegetáció fajgazdagsága növekszik, a magkészlet fajgazdagsága és denzitása is csökken 2) a vegetáció és a magkészlet fajösszetétele a gyomosító fajoktól a természetes gyepevegetáció irányába mozdul el.

Az eltelt 10 évben a mintaterületek talajtani jellemzői lassan csökkenő, egymással összevetve kiegyenlítődő értékeket mutat.

A vegetációt, miként 10 évvel korábban is, már élőlő füvek, *Cynodon dactylon* és *Festuca pseudovina* uralták. Gyakoriak még a *Poa angustifolia* és a *Calamagrostis epigeios*. A vegetáció fajgazdagsága 2002 és 2012 közt  $20\text{ m}^2$ -es léptékben csak kissé változott, a kvadrátok léptékében,  $4\text{ m}^2$ -en a Jaccard hasonlósági indexek értékei csak alacsony-közepesek. A vegetáció fajösszetétele egyes területeken növekedett, míg másokon stagnált vagy csökkent. A magkészlet mintáknak mind a fajgazdagsága, mind denzitása általában csökkent az elmúlt évtizedben, bár lokálisan eltérő tendencia is előfordult. Néhány gyomfaj magkészletbeli előfordulása és denzitása is csökkent. Más, korábban még gyakori fajok el is tűntek. Hasonlóan megritkultak a területre behurcolt higrofiták. Természetes gyepekre jellemző fajok csak kis számban jelentek meg a magkészletben. A vegetáció és magkészlet minták Jaccard szimilaritási indexei 2002 évihez képest alacsonyabbak, ami a szukcesszió során a magkészlet és a vegetáció eltávolodását jelzi. Igazoltuk, hogy a degradált homoki legelők regenerációja meghaladja a két évtizedes időléptéket. A szukcesszió második évtizedében a talajtani jellemzők, illetve a vegetáció és a talaj magkészlet fajösszetételének és dominanciájának lassú változását mutattuk ki. Amennyiben a gyepek hagyományos kezelését sikerül fenntartani, akkor a vizsgált állományok a jövőben a természetes homoki legelőkhöz lassan még hasonlóbbá válhatnak.

---

**LOVAS-KISS ÁDÁM**Biológia  
BSc, 7. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

**MIZSEI EDVÁRD**Biológia  
BSc, 7. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Molnár V. Attila**egyetemi adjunktus, DE TTK*

---

### **Az *Anacamptis palustris* subsp. *elegans* szaporodásbiológiája**

A pompás sisakoskosbor (*Anacamptis palustris* subsp. *elegans*) szaporodásbiológiai szempontból az egyik legkevésbé ismert európai orchidea. Claessens & Kleynen (2011) alapvető összefoglaló művéből is hiányoznak róla az olyan alapvető szaporodásbiológiai ismeretek (megporzók, termésképzés aránya, termésenkénti magszám, pollencsomag előrehajlásának ideje), amelyek a legtöbb európai kosborféle esetében legalább részben rendelkezésre állnak. Ennek oka, hogy a növény nem fordul elő Európa legintenzívebben kutatott részein, mivel elterjedése Közép-Kelet-Európától, a Balkánon, Kis-Ázsián át az Arab-félszigetig és Türkmenisztánig húzódik. Évelő ikergumós, a megporzókat megtévesztő növény. Munkánk során 6 hazai (nyírségi) és 3 romániai állományt vizsgáltunk. A pollencsomag gyors előrehajlású ( $30,5 \pm 9,1$  mp.), ami gyors mozgású pollinátorok meglétét valószínűsíti. Ezzel összhangban terepi vizsgálataink során összesen öt megporzó rovarot azonosítottunk, közülük négy hártványú (*Hymenoptera*) volt, mint például az óriás törösdarázs (*Megascolia maculata maculata*), amely orchidea-pollinátorként eddig nem volt ismert. A növény virágait egyéb ízeltlábúak is látogatják (*Coleoptera*, *Lepidoptera*, *Hemiptera*, *Araneae*), de pollen-vektorként jelentőségük csekély. A vizsgált élőhelyeken a termésképzési arány átlagosan 69,4%-nak bizonyult. A reprodukció siker egyedi szinten pozitívan korrelált a példány magasságával és a virágok számával. A termésképzési arány populációs szinten ugyancsak erősen pozitív korrelációt mutatott az állomány nagyságával, ami nyomatékosítja a jelentős egyedszámú állományok kulcsszerepét a taxon megőrzésében. A virágzatok alsó és felső felében elhelyezkedő virágok megtermékenyülési sikere között szignifikáns különbséget találtunk: a még tapasztalatlan megporzó rovarok gyakrabban látogathatják a korábban nyíló (alsóbb helyzetű) virágokat, ennek következtében a virágzás korai szakaszában nagyobb a termésképzési arány, de nem kizárható a forráslimitáció sem. Az alfaj vegetatív szaporodása lehetséges, de mértéke nem jelentős, ugyanakkor termésenkénti magszáma a nemzetségben eddig tapasztalt legmagasabbnak ( $\text{átlag} \pm \text{SD} = 6977 \pm 3387$ ) bizonyult. Ezermagtömege  $0,0014 \pm 0,0002$  gramm, így növényünk a hypermeichor magtömeg-kategóriába tartozik.

---

**LÖKI VIKTOR**

Biológus  
MSc, 9. félév

Debreceni Egyetem  
Természettudományi és Technológiai Kar

**LOVAS-KISS ÁDÁM**

biológia  
BSc, 7. félév

Debreceni Egyetem  
Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Lisztes-Szabó Zsuzsa*

*egyetemi adjunktus, DE MÉK*

*Szél László*

*biológus, Hortobágyi Nemzeti Park*

---

**Az egyhajúvirág (*Colchicum bulbocodium* Ker. Gawl.) újlétai populációjának  
fényigény vizsgálata**

A fokozottan védett egyhajúvirág (*Colchicum bulbocodium* Ker. Gawl.) legnagyobb egyedszámú nyírségi előfordulási helye az újlétai Kiserdőben, középkorú akácosban található. A közelmúltban az élőhely néhány erdőrészletében a cserjeszintből részben eltávolítottak kései meggyet (*Padus serotina*), így az egyhajúvirágokat egyes helyeken közvetlen napfény érthette, néhol viszont árnyékolás alatt maradtak. A növények szintjén történő fényintenzitás mérésével, illetve a tövek néhány morfológiai jellemzőjének összehasonlításával igyekeztünk megválaszolni a kérdést, függ-e a növény kondíciója az adott hely fényviszonyaitól, azaz volt-e a cserjeirtásnak hatása az egyhajúvirág populáció mérhető jellemzőire? 2010 tavaszán 150 db, 2011-ben még 70 db tövet jelöltünk ki, a virágzás teljében, 18 csoportra bontva, a buckán felfelé haladva. A töcsoportokat két részre osztottuk, egy „kezelt” és egy „kezeletlen” részre. A fénymerést lombosodás előtt, és lombosodás után végeztük, két napon át egy analóg fénymérővel (Ohaus Adventurer Pro). A populáció egyedeinek relatív kondícióját 2010-ben a termés méret, száraz termésszám, száraz levéltömeg, magszám, magtömeg, 2011-ben a leghosszabb levél hosszával, és szélességével jellemeztük, és statisztikai összefüggést kerestünk a fényellátottság és a morfológiai adatok között (ANOVA, korreláció és regresszió analízis, SigmaStat 2.03 program). A morfológiai adatokban részben tükröződik a szignifikánsan különböző fényviszonyok hatása. A napfénynek jobban kitett töcsoportok egyedeinek termése szignifikánsan nagyobb, és szignifikánsan több magot hoztak, nagyobb tömeggel, mint a gyengébb fényellátottságú csoportok. A kezelt helyeken erőteljesebben fejlődtek a növény generatív szervei, mint a kezeletleneken. A növények maggal történő reprodukciója szempontjából tehát kifejezetten kedvező lehet a nagyobb fényintenzitás. Az erősen árnyékolt helyeken adataink alapján gyengébb volt a növény kondíciója, (kisebb termések, magok, és magszám jellemezte a töveket), a leghosszabb leveleket a növények kifejezettebb árnyékolás alatt fejlesztették. A fényintenzitás és a morfológiai jelek között statisztikai összefüggés nem igazolódott. Eredményeink szerint a populáció kifejezetten jó megporzási aránnyal rendelkezik (2010-ben ~ 66%-os a jelölt töveknél). Ugyanakkor a terület körbekerítése, így a legelő állatok és a vadak taposásának kizárása valószínűleg elősegítette az avar káros mértékű felhalmozódását, mely csökkenti a magok csírázási esélyét.

---

**LÖKI VIKTOR**

Biológus  
MSc, 9. félév

Debreceni Egyetem  
Természettudományi és Technológiai Kar

**TAKÁCS ATTILA**

biológus  
MSc, 9. félév

Debreceni Egyetem  
Természettudományi és Technológiai Kar

**LOVAS-KISS ÁDÁM**

Biológia  
BSc, 7. félév

Debreceni Egyetem  
Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Molnár V. Attila*  
*egyetemi adjunktus, DE TTK*

*Dr. Sramkó Gábor*  
*tudományos munkatárs, MTA-ELTE-MTM Ökológiai Kutatócsoport, Budapest*

---

**Az európai közösségű jelentőségű Gussone-látonya (*Elatine gussonei*) új előfordulása Szicíliában**

A dolgozatban a Gussone-látonya [*Elatine gussonei* (Sommier) Brullo *et al.*] (*Elatinaceae*) eddig ismeretlen szicíliai előfordulását dokumentáltuk. A faj szerepel az IUCN 2012-es Vörös Listáján valamint az Európai Unió 1992-es Élőhelyvédelmi Irányelveinek II. és IV. függelékeiben. Élőhelyei, a mediterrán időszakos tavacsák ('*Mediterranean temporary ponds*') veszélyeztetettek és szintén szerepelnek az 1992-es Élőhelyvédelmi Irányelveinek listáján. Az eddig csak Lampedusa, Málta és Gozo szigetéről ismert fajt három helyen találtuk Szicília délkeleti részén, Modica és Ispica környékén. A magok alapján elvégzett faji azonosítás eredményét a nukleáris riboszomális DNS ITS régiójának szekvenálása is megerősítette. Az újonnan talált szicíliai növény monofiletikus kládot alkot az *E. gussonei* máltai és gozo-i mintáival. A vizsgálat másik jelentős eredménye, hogy a filogenetikai farekonstrukció módszerével filogenetikai bizonyíték áll rendelkezésre az *E. gussonei* faji szintű elválására a legközelebbi rokon *E. macropoda* Guss.-tól. A veszélyeztetett fajként számon tartott *E. gussonei* elterjedése, mint a jelen dolgozat mutatja, nem korlátozódik csupán 3 kicsiny szigetre, és nagyon valószínűnek tartjuk, hogy Szicília szigetén is ennél több populáció létezik. Mivel azonban a növény Szicíliai előfordulásai is közel vannak utakhoz, valamint lakott területhez, több veszélyeztető tényezője (például bányászat, építkezés vagy útépítés) is lehet az élőhelyeknek. Jelen felfedezés ugyanakkor felveti a faj szélesebb körű elterjedésének lehetőségét a Mediterrán térségben.

---

**NÉMETH JULIANNA**

Biológus MSc, Növénybiológia szakirány  
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Kovács M. Gábor*

*egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

*Seress Diána*

*doktorandusz hallgató, ELTE TTK*

---

### **A rozmaringlevelű fűz ektomikorrhiza gombáinak vizsgálata félszáraz homokpusztagyepen**

A mikorrhiza kapcsolatok fontos szerepet játszanak a szárazföldi ökoszisztémákban, többek között a növények szárazságtűrését is segítik. Számos mikorrhiza típust különböztetünk meg, ezek közül egyik legelterjedtebb az ektomikorrhiza (EM).

Munkám célja a Kiskunságban őshonos rozmaringlevelű fűz (*Salix rosmarinifolia*) EM képző gombáinak diverzitás vizsgálata volt. Ezen kívül a területen vizsgált más őshonos (*Fumana procumbens*, *Populus alba*) és invazív (*Pinus nigra*) növények EM képző gombáinak összehasonlítása, illetve a generalista EM gombák azonosítása.

Mintáinkat a Fülöpháza melletti félszáraz homokpusztagyegről gyűjtöttük 2010 és 2011-ben, két *Salix* foltból. A mikorrhizákat sztereomikroszkóp alatt morfortípusok szerint válogattam. A molekuláris vizsgálatok során a gomba nrRNS ITS régióját szaporítottam fel és szekvenáltattam. A kevert mintákat egy endofiton gomba (*Cadophora* sp.) specifikus diagnosztikai PCR alkalmazásával is vizsgáltam. A szekvenciákat a mothur programmal csoportokba (MOTU) osztottam, amelyek alapján a két mintavételi terület, illetve az egyes mintavételek eredményeit vetettem össze. Az egyes MOTU-kat az NCBI Blast és Unite adatbázis segítségével azonosítottam.

A két mintaterületről 44 talajmintát gyűjtöttünk, ebből összesen 294 EM gyökérvéget szekvenáltam. A szekvenciák hasonlóságuk alapján 58 MOTU-ba csoportosultak. Eredményeimet összevettem a területről származó termőtest adatokkal, valamint más EM képző fajokról származó és talajból kiinduló gomba diverzitási „next generation sequencing” (NGS) adatokkal.

A korábbi termőtest adatok alapján nem várt magas EM diverzitást tapasztaltam. Néhány EM gomba (*Tomentella* spp., *Tuber* sp.) a területre nézve új adatnak bizonyult, ezen kívül számos generalista EM képző gomba taxont azonosítottam a *Salix rosmarinifolia* növényről.

---

**SONKOLY JUDIT**

Biológus

MSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Molnár V. Attila*

*egyetemi adjunktus, DE TTK*

---

### **A reprodukciós siker vizsgálata két hazai orchideafajnál**

Két hazai orchidea fajt, a kétlevelű sarkvirágot (*Platanthera bifolia*) és a széleslevelű ujjaskosbort (*Dactylorhiza majalis*) két éven keresztül (2010 és 2011) vizsgáltam a szaporodási sikerük és az azt befolyásoló tényezők tekintetében. Mivel a hazai orchideák mind védettek, és több közülük veszélyeztetett növény, reprodukciós sajátosságainak pontos ismerete természetvédelmi szempontból is fontos. A két faj összesen három populációját vizsgáltam a Bükk-hegységben, Miskolctapolca mellett és Létrástetőn. A két évből származó adatok alapján azt állapítottam meg, hogy a két faj átlagos termésképzési aránya között nincs szignifikáns különbség. Ez nem egyezik azzal a korábbi megállapítással, hogy a megtévesztő (deceptív) fajok termésképzési aránya átlagosan szignifikánsan alacsonyabb, mint a nektártermelőké, mivel egy nektártermelő és egy deceptív fajról van szó. A termésenkénti magszámok tekintetében viszont szignifikáns különbséget találtam a *D. majalis* javára, illetve ugyanennél a fajnál a két évre jellemző termésenkénti magszámok között is jelentős különbség van. A jóval alacsonyabb 2011-es magszámokat valószínűleg a csapadékszegény időjárással magyarázhatjuk. A termésképzési arányt lehetségesen befolyásoló tényezők közül az állomány sűrűségét, a virágzat hosszát és a hajtás magasságát vizsgáltam. Eredményeim szerint a *D. majalis* esetében a környező állomány sűrűsége, és a virágzat hossza is pozitívan befolyásolja termésképzési arányt. A *P. bifolia*-nál különbség van a termésképződés valószínűségében és a termésenkénti magszámban is a virágzatban való elhelyezkedés szerint: az alsó virágok nagyobb valószínűséggel fejlődnek terméssé és ezekben több mag képződik, mint a felsőkben. Ez a tendencia megegyezik azzal a korábbi feltevessel, hogy az alsó virágok inkább női, a felsők pedig hím funkciójúak. Mindkét faj terméseiben szignifikánsan kevesebb mag képződött akkor, ha az adott virágzatban kevés virágot poroztam be kézzel, mint akkor, ha sok virágot poroztam be, azaz kevesebb mag képződött egy termésben, ha a növénynek a forrásait többfelé kellett szétosztania. Ebből arra következtethetünk, hogy fennáll a forrásslimitáció jelensége. Az orchideákat általánosságban pollenlimitáltak tartják, de úgy tűnik, hogy ennél a két fajnál nem csak a megporzás sikeressége, hanem a források mennyisége is limitálja a reprodukciós sikert.

---

**SZAKÁLY ÁGNES**

biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Tóth Zoltán*

*egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

---

### **A szőcei tőzegmohás láprétek aktuális botanikai állapotfelmérése**

Dolgozatomban a szőcei tőzegmohás lápréteken végzett terepi munkám és azt kiegészítő kutatásaim eredményeit mutatom be. Vizsgálataim helyszínül az Őrség keleti szélén húzódó, fokozottan védett Szőce-patak völgyét választottam. A terület különleges természeti adottságainak köszönhetően – sok csapadék, a völgy oldalából fakadó számos rétegforrás biztosította vízellátottság és hűvös, párás mikroklíma – hazánkban ritka lápi és hidegkori relikturnövényeknek ad otthont. Az elmúlt évszázadokban a lápréti, foltokban ingoványos, lápos élőhelyeket az emberi tájhasználat kaszálással tartotta fenn. Ebben az utolsó, talán még teljes pompájában viruló állapotban készült a napjainkig is egyetlen, a maga korában részletesnek számító botanikai állapotfelvetelezés az 1950-es években. Az elmúlt 60 évben a kaszálás felhagyásával egyidejűleg megkezdődött a láprétek területének csökkenése: a rétek feldarabolódtak, jelentős részük égerligetté alakult, nagy területeket hódított meg a magas aranyvessző (*Solidago gigantea*). Azóta csak szórványos és kevés adattal rendelkezünk a rétek növényzetének változásáról, a védett fajok állapotáról. Ezért célom minden védett növényfaj előfordulására, állapotára vonatkozó felmérés készítése volt, mellyel a hivatalos természetvédelem munkáját segíthetem. Munkám során 25 védett edényes növényfajt és 9 tőzegmohafajt térképeztem fel, valamint jellemeztem az egyes rétfoltok növényzetét. Több, kevésbé ismert védett fajról (pl. sásfajok) gyűjtöttem információkat, melyek állapotáról nem állt rendelkezésre korábbi adat. A védett edényes növényfajokat a szőcei lápréteken való elterjedtségük, tömegességük és veszélyeztetettségük alapján három kategóriába rendeztem. A vizsgált edényes növényfajok közel fele a „ritka, sérülékeny” kategóriába került. A tőzegmohákról fellelhető herbáriumi anyagot revideáltam. Eredményeim között szerepel a herbáriumi tőzegmohaminták között két, akkor le nem írt faj azonosítása, melyek jelenlegi előfordulását megerősítettem. Edényes növények közül öt, a területre nézve új vagy 20-50 év után újra előkerült védett fajt találtam. Eredményeim a gyakorlati természetvédelemben, az Őrségi Nemzeti Park munkájában közvetlenül hasznosítható adatokat szolgáltatnak. Felhasználásukkal célirányosabban tervezhető a kaszálás, melynek pontos tervezése, végrehajtása és dokumentációja kulcsfontosságú lehet különösen a ritka, sérülékeny fajok megőrzésében.



---

## TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA

2013. április 3., SZTE Biológiai épület, BI-132 terem, 8:00-11:30

Zsűri: Prof. Dr. Boros Emil, Dr. Ódor Péter, Dr. Szép Tibor

|             |   |
|-------------|---|
| 8:00-8:15   | <b>Balázs Adrienn</b> (SZIE MKK): A dihidrotesztoszteron, mint androgén hatású mikroszennyező vizsgálata biodegradációs eljárásokban    |
| 8:15-8:30   | <b>Cseh Viktória</b> (SZTE TTIK): Természetközeli vegetáció szerveződése és az ökoszisztéma szolgáltatások kapcsolata a Maros völgyében |
| 8:30-8:45   | <b>Hangya Noémi</b> (SZTE TTIK): A Kékesi-rét tájtörténeti kutatása és élőhely-térképezése  |
| 8:45-9:00   | <b>Lázár Bence</b> (SZIE ÁOTK): Hová vonulnak el a kék vércsék ( <i>Falco vespertinus</i> ) ősszel?                                     |
| 9:00-9:15   | <b>Lukács Katalin Odett</b> (ELTE TTK): A Constant Effort Sites eddigi eredményei Magyarországon  |
| 9:15-9:30   | <b>Mózes Edina</b> (ELTE TTK): Különböző léptékű táji környezet hatása méhközösségekre erdélyi szántókon és gyepeken                    |
| 9:30-10:00  | szünet  |
| 10:00-10:15 | <b>Nemesházi Edina</b> (SZIE ÁOTK): A környezeti tényezők DNS-re gyakorolt degradációs hatásának modellezése madártollakon              |
| 10:15-10:30 | <b>Németh Péter Norbert</b> (ELTE TTK): Kézvel nevelt papagájok növekedésének vizsgálata  |
| 10:30-10:45 | <b>Ónodi Gábor</b> (ELTE TTK): A szukcesszió és a harkály közösség kapcsolata   |
| 10:45-11:00 | <b>Papp László</b> (ELTE TTK): Hazai vadon élő növények szaporítási és előnevelési vizsgálata   |
| 11:00-11:15 | <b>Roffa Hajnalka</b> (EKF TTK): Tiszaújváros zöldterületeinek gombafaj-vizsgálata és összehasonlítása a miskolci Népkert gombafajaival |
| 11:15-11:30 | <b>Szirák Ádám</b> (ELTE TTK): Növény-pollinátor hálózatok különböző táji és agrár-kezelési paraméterek függvényében                    |

---

---

**BALÁZS ADRIENN**

Ökotoxikológus

MSc, 3. félév

Szent István Egyetem

Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Krifaton Csilla*

*tanszéki mérnök, SZIE MKK*

---

**A dihidrotesztoszteron, mint androgén hatású mikroszennyező vizsgálata  
biodegradációs eljárásokban**

A természetes androgén hormonok közül az 5 $\alpha$ -dihidrotesztoszteron (DHT) jelentős mennyiségben távozik naponta a felnőtt férfi szervezetből, így nagymértékben hozzájárul a szennyvizek androgén terheléséhez, majd a felszíni vizekbe juthat. A DHT reprodukciós zavarokat, viselkedési rendellenességeket, prosztatata megnagyobbodást és az immunrendszer károsodását okozhatja; így fontos a DHT minél hatékonyabb eltávolítása a szennyvizekből. Ennek megvalósítására a szennyvíztisztítás során a fizikai-kémiai módszereken kívül hatékony alternatívát jelenthetnek a biológiai eljárások, amelyek alapja a mikroorganizmusok biodegradációs képessége.

A DHT biodegradációjára alkalmas mikroorganizmusok kiválasztása céljából egy meg-lévő, szénhidrogén bontási potenciállal rendelkező törzsgyűjteményt vizsgáltunk. Célki-tűzéseink között szerepelt a kiváló bontási potenciállal rendelkező törzsek közül azok szelekciója, amelyek toxikus metabolitok nélkül képesek a DHT degradációjára. Ennek érdekében egy biolumineszcencia alapú tesztrendszert, a *Saccharomyces cerevisiae* ge-netikailag módosított törzseit alkalmaztuk teszt-szervezetként. Az androgén hatás méré-sére a BLYAS, míg a konstitutív kontroll törzsként alkalmazott BLYR a citotoxicitás mérésére hivatott. A biológiai vizsgálatokat analitikai mérésekkel egészítettük ki.

Az előkísérletek során BLYAS/BLYR teszt-szervezetek érzékenységét teszteltük DHT-ra és megállapítottuk, hogy 5,52 ng/ml DHT okoz 50%-os fénykibocsátás növekedést a BLYAS törzs lumineszcenciájában, míg a BLYR törzs esetében nem tapasztaltunk a vizsgált koncentrációs tartományban fénykibocsátás változást. A BLYAS/BLYR teszt-rendszert adaptáltuk biodegradációs kísérletekhez. A kialakított komplex rendszerrel megbízhatóan kiválaszthatóak a legmagasabb bontási potenciálú biztonságos törzsek (maradék káros hatás nélkül végzik a DHT bontását), amelyek vizsgálataink alapján a *Rhodococcus* és *Cupriavidus* nemzetségből kerültek ki. Mindemellett vizsgálataink rá-mutattak, hogy kiváló DHT bontás mellett is lehetséges maradék androgén hatás, amely hangsúlyozza a biotesztek fontosságát a biodegradációs eljárások során.

Ezt a munkát a Baross Gábor Program-2009 (REG\_KM\_KFI\_09; HALEDC09) és a TÁMOP-4.2.1B-11/2/KMR-2011-0003 támogatta. A szerző köszönetét fejezi ki M. Eldridge és G. Saylernek a BLYAS és BLYR teszt-szervezetekért (The University of Tennessee, Knoxville, Tennessee).

---

**CSEH VIKTÓRIA**

Környezettudomány MSc  
MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem  
Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Körmöczy László*

*tanszékvezető egyetemi docens, SZTE TTIK*

*Bátori Zoltán*

*tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK*

*Erdős László*

*tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK*

---

**Természetközeli vegetáció szerveződése és az ökoszisztéma szolgáltatások  
kapcsolata a Maros völgyében**

Dolgozatomban a Maros-völgy magyarországi szakaszának botanikai értékelését és a terület által nyújtott ökoszisztéma szolgáltatásokat kívánom bemutatni. A kutatást a Szegedi Tudományegyetem Ökológiai Tanszékén végeztem, ahol az elmúlt évek során részt vettem a „Táj szintű kapcsolatok a tájhasználat, élőhely-minőség és ökoszisztéma szolgáltatások között a Maros-völgyében” című pályázat megvalósításában. A projekt célja a régió természeti adottságainak feltérképezése és a táj dinamikájának megértése, a tájhasználatok, ill. az ökoszisztéma szolgáltatások értékelése, valamint a döntéshozatali folyamatok támogatása volt. A kutatásnak három fő irányvonala volt. Először elkészítettem a terület tájtörténeti értékelését. Ezután a terület botanikai értékeléséhez kiválasztottunk négy 3 × 3 km-es mintaterületet a Maros folyó mentén, melyek terepbejárása során elkészítettük a területek élőhelytérképeit, valamint cönológiai felvételezést végeztünk a jellemző vegetációtípusokban (mocsárréteken, puhafaligetekben és telepített tölgyesekben). Emellett feljegyeztük a védett növényfajok, valamint az Alföldön ritka növények előfordulásait. A harmadik lépés az ökoszisztéma szolgáltatások értékelése volt, melynek során a táj társadalmi megítélését vizsgáltuk. Ennek keretében 60 személlyel készítettünk félig strukturált mélyinterjút Maroslele, Klárafalva és Ferencszállás térségében. A terület vegetációjáról elmondható, hogy az agrártájban megmaradt erdők többsége leromlott állapotú, az inváziós növényfajok aránya magas, és csak kis fragmentumokban maradtak fenn igazán értékes állományok. Ezzel szemben a Makó és Magyarcsanak környéki mocsárrétek jelentős része természetközeli állapotokat tükröz. A területen sok idegenhonos faültetvény (pl. nemes nyár, fekete dió) található, a mentett oldalon nagy a szántóföldek aránya. Több ritka növényfajt sikerült azonosítani a vizsgált térségben (pl. *Clematis integrifolia*, *Epipactis helleborine*). Annak ellenére, hogy a Maros mentének jelentős része botanikai szempontból jelenleg kevésbé értékes, mégis számos szolgáltatást nyújt az itt élőknek, akik elsősorban a jólétüket közvetlenül érintő termelő és kulturális szolgáltatásokat érzélelik. A termelő szolgáltatások közül a legfontosabbak az élelmiszertermeléshez és az erdőgazdálkodáshoz kapcsolódó szolgáltatások, míg a kulturális szolgáltatások közül a rekreáció, az esztétikai érték és az ún. „sense of place” a legjelentősebb a számukra.

---

**HANGYA NOÉMI**

Környezettudomány

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Margóczy Katalin**egyetemi docens, SZTE TTIK**Dóka Richárd**tájtudományi referens, Kiskunsági Nemzeti Park*

---

**A Kékesi-rét tájtörténeti kutatása és élőhely-térképezése**

Kutatásom vizsgálódási területe a szikes Kékesi-rét, mely a Kiskunsági Nemzeti Park természetvédelmi kezelése alatt álló terület, a már védett szikes Szelidi-tó Természetvédelmi Terület bővítési területe. A tóval hidrológiailag szorosan összekapcsolódik, ami történelmét feltehetőleg nagymértékben befolyásolta. Dolgozatom elkészítésével két célom volt, az egyik hogy a Kékesi-rét több évszázadra visszanyúló történelmét megismerjem, a másik hogy a jelenlegi növényzeti adottságokat leírjam, és élőhelytérkép formájában reprezentáljam. Az ilyen jellegű információk szükségesek ahhoz, hogy az élőhelyek természetes állapotát képesek legyenek a természetvédelmi szakemberek visszaállítani.

Tájtörténeti kutatásom középpontjában az állt, hogy a rét történelmét napjainktól a lehető legrégebbi időpontig megismerjem különböző források és módszerek segítségével. A korábbi évszázadokban jellemző állapotok leírásához térképeket, területleírásokat használtam, míg az elmúlt kb. 50 évhez a környéken élő civilekkel és szakemberekkel beszéltem, hiszen ők helyismeretük révén számomra sok értékes és érdekes információval szolgálhattak. Vizsgálati kérdéseim kiterjedtek mindenre, ami a Kékesi-rét történelmét befolyásolhatták, így az abiotikus tényezők, az antropogén beavatkozások (mint például a Duna szabályozása), a birtokviszonyok, a gazdálkodás módja és helyszíne. Mindezek mellett a rét biotikus adottságaira, növényzetére vonatkozó adatok is összegyűjtöttem. A kutatás eredményeként elmondható, hogy korábban mocsaras majd szikes életközösségek domináltak, az élővilág pedig sokkal változatosabb összetételű volt, mint napjainkban.

Emellett terepi bejárások alkalmával élőhelyfoltokat különítettem el megjelenés valamint növényfajok alapján az Általános Nemzeti Élőhely-osztályozási Rendszert (Á-NÉR) használva. Érdeklődésem középpontjában az állt, hogy a terület mekkora hányadát borítja nádas, hol fordulnak még elő szikesek, és hogy ezeken kívül milyen más élőhelytípusok jellemzik még a rétet. Az adatok feldolgozásának végeredménye az ArcMap program segítségével megrajzolt élőhelytérkép, melyen jól látható, hogy ma már a nádas a legnagyobb kiterjedésű, szikes élőhelyek bár még vannak a területen, de igen kis foltokban.

---

**LÁZÁR BENCE**

Biológus

MSc, 2. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezetők:**Fehérvári Péter**biológus, SZIE ÁOTK**Dr. Harnos Andrea**egyetemi docens, SZIE ÁOTK*

---

**Hová vonulnak el a kék vércsék (*Falco vespertinus*) ősszel?**

A kék vércse térségünk egyetlen hazai és nemzetközi szinten is kiemelten védett telepe-  
sen költő, kistestű ragadozó madár faja. Obligát vonuló, a telet Afrika Egyenlítőől délre  
eső területein tölti. A vonulást megelőző időszakban a madarak a fészkelő területen be-  
lül mozognak, az estéket közös éjszakázó helyeken töltik. A madarak éves ciklusának  
ezen periódusa feltehetően igen fontos a túlélés szempontjából, hiszen ekkor halmozzák  
fel a vonuláshoz szükséges tartalék energiát. A kék vércsék premigrációs élőhelyhasz-  
nálatáról, a migrációs útvonalakról, illetve a telelőterületről szinte csak empirikus vagy  
anekdotikus információk álltak rendelkezésre a vizsgálatunkat megelőzően. 2009-ben 8  
madarat szereltünk fel műholdas nyomkövetőkkel (PTT) egy LIFE Nature projekt kere-  
tein belül. Most először kerültek ilyen jeladók kék vércsére. A jeladók felszerelésével  
elsődleges célunk a faj vonulási útjának és telelőterületének feltárása volt, ugyanakkor a  
kapott adatok segítségével lehetőségünk nyílt eddig még ismeretlen gyülekezőhelyek  
feltérképezése, illetve a madarak potenciális egyedi mozgáskörzetének meghatározásá-  
ra. A nyomkövetők segítségével sikerült meghatároznunk 5 madár premigrációs mozgá-  
sát, vonulási útvonalát, valamint telelőterületét is. Munkám során behatároltam 2 új le-  
hetséges gyülekezőhelyet Magyarországon, valamint 6 új lehetséges gyülekezőhelyet  
Dél-Ukrajna területén. Egyetlen jeladóval ellátott madár szolgáltatott kellő mennyiségű  
és minőségű adatot a mozgáskörzetének meghatározására. A 80%-os *Kernel home*  
*range* becslés alapján ez az egyed 73 km<sup>2</sup> területet járt be augusztus és szeptember kö-  
zött. A világon elsőként sikerült meghatároznunk 6 kék vércse őszi vonulási útvonalát,  
illetve behatárolnunk a telelőterületeiket. Ennek az eredménynek a jelentőségét növeli,  
hogy semmilyen korábbi információ nem állt rendelkezésre erre vonatkozóan a szakiro-  
dalomban. Négy madár őszi útvonalát a vonulási útvonal szakaszok bayesi elemzésével  
jelmeztem. Eredményeim rávilágítanak arra, hogy a korábban vonulási barriernek te-  
kintett Földközi-tenger, illetve a Szahara feltehetően kevésbé limitálja a madarak moz-  
gását. Ellenben az egyenlítői éghajlatba érve a madarak mozgásmintázata megváltozik,  
az egyedek útvonalai konvergálnak, jelezve, hogy az esőerdő zóna feltehetően egy ko-  
rábban nem ismert vonulási barriert jelent a kék vércsék számára. A 6 egyed téli moz-  
gásmintázata alapján a kárpát-medencei populáció telelőterülete a Zambézi folyó víz-  
gyűjtő medencéjében található.

---

**LUKÁCS KATALIN ODETT**

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Csörgő Tibor**tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK*

---

***A Constant Effort Sites* eddigi eredményei Magyarországon**

Az Állandó Ráfordítású Gyűrűzés (*Constant Effort Sites*) programját 1983-ban indította el a *British Trust for Ornithology* (BTO) Nagy-Britanniában és Írországbán. Később további országok csatlakoztak hozzá, többek között Magyarország is 2004-ben. A CES fő célja az adott területen költő énekesmadárfajok állományfelmérése, a fiatal és öreg madarak túlélési rátájának vizsgálata, valamint az egyes fajok költőterület hűségének felmérése. Az adatgyűjtés tavaszi és a kora nyári időszakban a madarak függönyhálójával való befogásával és meggyűrűzésével történik, szigorú protokoll alapján.

Hazánk 2004-ben 14 CES ponttal indult a programban. A kezdőévtől 2011-ig 26 értékelhető mintavételi helyen folyt a munka. Ezek adatait dolgoztuk fel. A 8 év alatt összesen 79 madárfaj 43379 példányát fogtuk be és 9464 visszafogást regisztráltunk. A fogástörténeti adatsorokat a BTO által kifejlesztett CESR programmal elemeztük, amely általános lineáris modell módszerével számolja ki az adatokat. A vizsgálati területeket 3, a vegetáció összetétele alapján különböző csoportba (erdő, nádas, vegyes) soroltuk, amelyeknek fajdiverzitása és fajösszetétele nagymértékben különbözött. Vizsgáltuk a produktivitás, az öreg túlélési ráta, az öreg és fiatal abundancia index változását. Összehasonlítottuk a különböző méretű hálófellellettel dolgozó helyek fogáshatékonyságát. Vizsgáltuk a különböző vegetáció típusú kategóriába sorolt CES pontokon a faj összetételt, a hasonlóságot és a diverzitást.

A viszonylag rövid időintervallum miatt csak a leggyakrabban fogott fajok – fülemüle, vörösbegy, fekete rigó, foltos nádiposzáta, cserregő nádiposzáta, énekes nádiposzáta, fülemülesitke, csilpcsalpfüzike, töviszúrógébics, széncinege, kék cinege, mezei-réb, erdei pinta, zöldike, meggyvágó, nádisármány – adatsorai értelmezhetők.

Az öregkori túlélési ráta esetén nem volt detektálható szignifikáns trend.

Az összes adatot vizsgálva az abundancia index változás trendje 8 fajnál volt szignifikáns. A fülemülnél mindkét korcsoportnál, míg az énekes nádiposztánál, zöldikénél, meggyvágónál, töviszúró gébicsnél csak az öreg madarak esetében mutatható ki negatív trend. A fiatalok esetében a fülemülesitkénél a változás pozitív, míg a széncinegénél ez negatív. A vörösbegnél pedig csak az öregeknél látható pozitív összefüggés.

A produktivitás esetében kevés fajnál volt szignifikáns változás. Az összes élőhelyet egyben vizsgálva a nádi sármánynál és az erdei pintynél pozitív a trend, míg a fekete rigónál negatív a változás.

---

**MÓZES EDINA**

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Kovács Anikó*

*tudományos munkatárs, MTA ÖK Ökológiai és Botanikai Intézet*

---

### **Különböző léptékű táji környezet hatása méhközösségekre erdélyi szántókon és gyepeken**

A rovarbeporzás, mint szabályozó ökoszisztéma szolgáltatás, kulcsfontosságú a legtöbb zárvatermő növény szaporodásában és a mezőgazdasági termelésben. Napjainkban az egyre erősödő agrár-intenzifikáció helyi és táji léptékben alakítja át az egykor természetes élőhelyeket, ezzel csökkentve az élővilág sokféleségét. Ez a folyamat homogénné és sérülékennyé teheti a méhközösségeket is, mely a virágbeporzás hatékonyságának csökkenéséhez vezethet. Kutatásunkban Erdélyben a topográfiai viszonyok, a táji heterogenitás, a mezőgazdasági művelés, a fás borítottság és a virágzó növények méhközösségekre gyakorolt hatását vizsgáltuk szántókon és gyepeken. A mintavételhez sárga tálcspadákat használtunk május, június és július hónapokban; a megfogott méheket fajszinten meghatároztuk. Mindhárom hónapban botanikai felmérést végeztünk. Munkánk célja volt továbbá a méhek mintavételezésére leginkább ajánlott tálcspadázás és az ún. transzektmenti egyeléses mintavétel módszertani összehasonlítása a fogott faj- és egyedszámok tekintetében. A tálcspadával fogott méhek teljes faj- és egyedszámát, valamint a poszméhek és egyéb vadméhek faj- és egyedszámát általános lineáris kevert modellekkel elemeztük a táji paraméterek, a művelési ág, a virágzó növényfajok és a mintavételi hónap függvényében. A topográfiai viszonyok, a kisebb léptékű táji heterogenitás és fás borítottság nem volt szignifikáns hatással a pollinátor csoportok faj- és egyedszámára. A vadméhek faj- és egyedszáma júniusban és júliusban magasabb volt, mint májusban. A legtöbb poszméhet júniusban fogtuk. A környezeti tényezők fajkompozícióra gyakorolt hatásának tesztelése során megállapítottuk, hogy a fajösszetételt jelentősen befolyásolták a topográfiai paraméterek és a mezőgazdasági művelés típusa. Csapdáink több vadméhfajt és egyedet fogtak a virágzó növényfajokban szegényebb szántókon, mint gyepeken. A virágzó növények fajszáma negatív hatással volt a méhek faj- és egyedszámára. A tálcspadás mintavételi módszert összehasonlítva a transzektmenti egyeléses mintavétellel, a két módszer ellentétes eredményeket mutatott a méhek egyedszámát tekintve: a virágokban gazdagabb kultúrákban a tálcspadák következetesen kevesebb méhegyedet fogtak. Kimutattuk, hogy eltérő növényzeti diverzitású területek pollinátor közösségeinek faj- és egyedszámának összehasonlítása esetén a tálcspadás módszer téves eredményekhez vezethet, faj- és egyedszámok összehasonlítására kevésbé megbízható, mint a transzektmenti mintavétel.



---

**NEMESHÁZI EDINA**

Biológus

MSc, 1. félév

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezető:*

*Vili Nóra*

*zoológus, SZIE ÁOTK*

---

**A környezeti tényezők DNS-re gyakorolt degradációs hatásának modellezése  
madártollakon**

A madárgenetikai vizsgálatok során egyre inkább elterjedt nem-invazív mintavételi eljárás a vedlett tollak terepen történő összegyűjtése. Ezek a tollak azonban a legkülönbözőbb helyekről (cserjék alól, lombozatról, nedves talajról, vagy éppen száraz sziklákról) kerülhetnek elő, és számos környezeti hatás érheti őket.

Összeállítottunk egy kísérletet, amelyben külön vizsgáltuk a magas relatív páratartalom és magas hőmérséklet, az alacsony relatív páratartalom melletti magas hőmérséklet, valamint a napsugárzás hatásait a tollakból kivonható DNS-re.

A kísérlethez 2010-ben és 2011-ben nyári lúd (*Anser anser*) tollakat (kettes és hármas kézevezők) téptünk a vedlési időszak környékén, hogy azok állapota megközelítse a természetes úton vedlett tollakét, de ne érje azokat ismeretlen környezeti hatás. A kísérlet során összesen 112, kezelésenként 16 darab tollat vizsgáltam meg. A DNS kinyerése a tollakból a felső köldök kimetszésével történt.

A DNS fragmentáltságának (károsodásának) mértékét különböző hosszúságú (151 bp, 300 bp, 500 bp és 985 bp) nukleáris DNS szakaszok PCR-rel történő felszaporításával vizsgáltam.

Eredményeink azt mutatták, hogy a vedlett tollakból kivonható DNS minőségét leginkább a magas relatív páratartalom mellett elszaporodó mikroorganizmusok veszélyeztetik, hosszabb távon pedig az erős napsugárzás is jelentős károsodást okozhat.

---

### **Kézzel nevelt papagájok növekedésének vizsgálata**

Az emberiség egyre fokozódó bioszféra-átalakítása leginkább a trópusi területek sokféleségét veszélyezteti. Az élőhelyek pusztulása, a túlzott mértékű befogás és vadászat, valamint a behurcolt, invazív fajok terjedése sok, a trópusokon élő papagájfajt sodort a kihalás szélére. Közülük néhány már kiemelt védelmet élvez, mert csak fogságban történő tenyésztésük biztosítja fennmaradásukat. Napjainkban számos tenyésztési program dolgozik a még fennmaradt populációk megőrzésén. Sikerességük jórészt az állatkertek, madárparkok és a magántenyésztők együttműködése során nagy számban keltetett és felnevelt fiókák természetbe történő vissztelepítésén alapszik.

A fiókák kézzel nevelésének mai, egyre magasabb hatásfoka a kevésbé veszélyeztetett, könnyebben tartható és tenyészthető fajokon végzett kísérleteknek köszönhető. A kísérleti tápszerek tesztelése során célszerű a gyakoribb madárfajok fiókáit használni, melyek általában könnyebben nevelhetőek, illetve ha a táp nem jár sikerrel, akkor is kisebb veszteséggel jár, mint ha veszélyeztetett fajokkal dolgoznánk. Néhány faj számára már sikeresen kikísérletezték az optimális tápszert, azonban a ritkább, problémásabb fajok esetén ez még nem valósult meg. A megfelelő tápszerek összeállítása és az etetési módszerek kidolgozása során a sikeresen felnevelt fiókák növekedési paramétereinek elemzése fontos szerepet kapott. Az összetétel módosítás növekedésre gyakorolt hatását leg egyszerűbben a testtömeg növekedés elemzésével mutathatjuk ki. Ezzel a módszerrel a tápszereket a ritkább, speciális igényű fajokra, fajcsoportokra is optimalizálni lehet.

Vizsgálatomban három, rendszertanilag egymástól távol álló, testméretét, életmódját, élőhelyét és vadonélő populációjának méretét tekintve is jelentősen eltérő fajt hasonlítottam össze: szivárványos lóri (*Trichoglossus haematodus*), goffini kakadu (*Cacatua goffiniana*), jákó papagáj (*Psittacus erithacus*). A vizsgálat során a Fővárosi Állat- és Növénykertben és magántenyésztők által felnevelt fiókák növekedési adatait használtam fel. Mindhárom faj esetén kézzel nevelt egyedek növekedése során rögzített testtömeg adatok elemzésével kerestem intra- és interspecifikus eltéréseket illetve hasonlóságokat. Az eredményeket más kutatásokkal összehasonlítva értékeltem.

Az eredmények alapján megfogalmazható tanulságok a későbbiekben hasznosak lehetnek a specialista, a nehezen tenyészthető és nevelhető, valamint a veszélyeztetett fajok fiókáinak sikeres felneveléséhez szükséges tápok kifejlesztése során.

---

## ÓNODI GÁBOR

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Csörgő Tibor

tudományos munkatárs, ELTE TTK

---

### A szukcesszió és a harkály közösség kapcsolata

Vizsgálatomat a Duna-Ipoly Nemzeti Parkhoz tartozó Ócsai Tájvédelmi Körzetben, az Öregturján nevű területen végeztem.

Az 1978-ig zajló tőzegbányászat befejezése és a terület védetté nyilvánítása után kezdődő szukcesszió hatására mára mozaikos, sok fajból álló fás vegetáció borítja a mintegy 30 hektáros terület kétharmadát. Fő faállományát nyárfa (*Populus* spp.) és fűzfa fajok (*Salix* spp.) alkotják, szórványosan magyar kőris (*Fraxinus angustifolia* ssp. *Pannonica*), közönséges dió (*Juglans regia*) és nyugati ostorfa (*Celtis occidentalis*) is előfordul. Mivel a legtöbb harkályfaj a nagy kiterjedésű, zárt állományú erdőségeket preferálja, így ez az élőhely számukra szuboptimális, ám mégis a hazánkban előforduló 9 fajból 8 már előfordult a területen. Közülük a következő 6-ot vizsgáltam: nagy fakopáncs (*Dendrocopos major*), kis fakopáncs (*D. minor*), közép fakopáncs (*D. medius*), balkáni fakopáncs (*D. syriacus*), zöld küllő (*Picus viridis*), fekete harkály (*Dryocopus martius*).

A vizsgált területen üzemel az Ócsai Madárvárta, ahol a 1983-tól történik madarak befogása, 120 darab, standard, 12 m hosszú, 2,5 m magas japán típusú függőnyhálóval. Ezek a hálók a különböző vegetációs típusok szerint standard hálóállásokba vannak rendezve. A befogás helyét a számozott hálónak megfelelően 12 m-es pontossággal lehet megállapítani. Munkámban az Ócsai Madárvártán 1983-2010 között befogott és meggyűrűzött madarak adatait dolgoztam fel. A fás vegetáció borítottság értékének változását az 1979-es, 1992-es, 2000-es, 2005-ös és 2010-es évekből származó 5 légifotó alapján állapítottam meg.

Vizsgáltam, hogy az egyes fajok milyen éves fogási mintázatokat mutatnak, hogyan oszlanak meg a különböző fajok egyedei fogásszám szerint, milyen összefüggés van a szukcesszió során növekvő fás borítottság mértéke és a harkályfajok egyedszámának növekedése között, valamint, hogy ezek a mintázatok milyen különbségeket mutatnak a fajok összehasonlításában.

Minden vizsgált faj egyedszáma júliustól októberig, a diszperziós időszakban volt a legnagyobb. Az év többi részében főként csak a rezidens egyedek voltak jelen. A legtöbb egyednek nem volt visszafogása, illetve nagyon kevés madár tartózkodott a területen több éven át, sok visszafogással. Az összes vizsgált faj egyedszámának növekedése korrelált a szukcesszió alakulásával, de különböző mértékben. A legnagyobb egyedszám növekedést a nagy fakopáncs mutatta. Ettől kisebb mértékben, de az előző fajjal legszorosabb összefüggésben a kis fakopáncs egyedszáma nőtt.

---

**PAPP LÁSZLÓ**

Ökológia, Evolúció- és Konzervációbiológia szakirány  
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Tóth Zoltán  
egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

---

**Hazai vadon élő növények szaporítási és előnevelési vizsgálatai**

A manapság kulmináló fajkihalások megfékezésére az élőhelyen történő (*in situ*) védelem mellett egyre nagyobb szerepet kap az attól távoli (*ex situ*) természetvédelem, melyhez nélkülözhetetlen a növényfajok szaporodási igényeinek és előnevelési optimumának behatárolása. A bővülő irodalmi háttér mellett sajnos máig sem rendelkezünk elegendő ismerettel az endemikus és reliktum fajaink mellett a társulásalkotó és -kísérő elemek csírázási és előnevelési igényeiről. Az életmenettel kapcsolatos ökofiziológiai vizsgálataimat természetvédelmi szempontból leginkább elfogadhatóan magról, ill. termésről kezdtem meg. E képletek az élőhelyre jellemző abiotikus és biotikus hatásoknak megfelelően különböző – fajtól függő vagy akár egyedi szinten is eltérő – csírázási mintázatot mutatnak, hogy az érést követően nyugalmi állapotba lépve a csírázás szempontjából kedvezőtlen időszakot elkerülhessék. A gyűjtést követően laboratóriumi körülmények között azonnali vetést végeztem annak megismerésére, mely fajok csírának utóérés és előkezelés nélkül. A vizsgált fajok egy jelentős hányadában, főként a termésükben endospermiumot nem tartalmazó fészkes virágzatú és a sziklagyepi fajoknál kaptam jelentős csírázási eredményt. A nem reagáló fajok magjait a nyugalmi állapotuk feloldása végett különböző, az élőhelyen is jelentkező hatásoknak (hideg- és fagyhatás, maghéjpuhítás, sötét- vagy fényhatás) vettem alá. A fajok többsége ennek megfelelően reagált, de néhány sziklagyepi faj – pl.: magyarföldi husáng (*Ferula sadleriana*) – eltért a predikcióktól. Köztudott, hogy egyes fajok talajpreferenciát mutatnak kelésük és a generatív szakaszba lépésük során, így ennek feltárása céljából részben a vetést és később az egyedi nevelést különböző kémhatású ültetőközegekben, kerti körülmények között végeztem el. Jelentős mennyiségbeli eltérést sikerült kimutatnom különböző talajokban a csírázás folyamán; méret- és növénytömegbeli eltérést az egyedi nevelés során. Az így kapott adatok segítségével bővíthetnek az egyébként messze nem teljes csírázás-biológiai ismereteink, hogy ezáltal lehetőség nyíljon a kitüntetett fajok védelmére, de akár teljes társulások restaurációja is eredményesen elvégezhető.

---

**ROFFA HAJNALKA**

Környezettan

BSc, 6. félév

Eszterházy Károly Főiskola

Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Leskó Gabriella  
tanársegéd, EKF TTK*

---

**Tiszaújváros zöldterületeinek gombafaj-vizsgálata és összehasonlítása a miskolci  
Népkert gombafajaival**

A kutatási területem Tiszaújváros (1970-ig Tiszaszederkény, 1991-ig Leninváros) Észak-Magyarországon, Borsod-Abaúj-Zemplén megyében, Miskolctól 35 kilométerre, a Sajó Tiszába folyásánál található. A város az ipari tevékenységnek köszönheti a mai állapotát.

A kutatásomban a nagygombák megjelenéseinek gyakoriságával és helyével, valamint a gomba- és növényfajok közötti kapcsolattal foglalkozom a városi területeken. A város meglehetősen sok zöld területtel rendelkezik, ami számos gomba számára nyújt megfelelő életkörülményeket, ezért gombatérképet is készítettem, mert fontosnak tartom, hogy pontosan ismerjük a gombák előfordulási helyét. A részletes vizsgálataim 2010 márciusától 2011 decemberéig tartottak, azonban az adatokat folyamatosan frissítem. A várost a felmérés szempontjából két részre osztottam, a város belterületének zöldövezetét és a külterületének zöldövezetét hasonlítottam össze. A kutatási módszerem terepi bejárásról alapszik, a bejárás során határozókönyvek segítségével azonosítottam be a gombafajokat és fényképekkel is dokumentáltam őket. A gombatérképeket a Google térképek segítségével készítettem el. A területem érdekessége, hogy az őzlábgalóca (*Amanita vittadini*) is előfordult, amely védett faj (eszmei értéke 2000 Ft). A gomba országos szinten ritka, Tiszaújváros egyes pontjain azonban tömeges megjelenést mutatott mind a 2010-es mind a 2011-es években. Ami meglepő, hogy a 2011-es év meglehetősen száraz volt és a gomba fajok száma is visszaesett, ellenben az őzlábgalóca fajszáma nem csökkent jelentős mértékben, azonban az előfordulási területei változtak.

A dolgozathoz szükséges információk beszerzése közbe tudomásomra jutott, hogy Miskolcon is készül egy hasonló felvételezés, amelyet Kaposvári László készít el. A két város belterületi zöldövezetének gombaflóráját az ő adatai alapján hasonlítottam össze a sajátjaimmal. Emellett a tiszaújvárosi zöldterületek gombaflóráját is összehasonlítottam a bel- és külterületi zöldövezeti előfordulás szerint, ezzel is jelezve a városon belüli változatosságot.

A dolgozatom célja a városi gomba fajainak felvételezése és megismerése valamint más városokkal való összehasonlítása, ezáltal szeretném bebizonyítani, hogy a városokban is számos gombafaj él, azonban az urbanizáció miatt tájidegen fajok is megjelennek.

---

**SZIRÁK ÁDÁM**

Biológus mesterszak  
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Báldi András*

*főigazgató, MTA ÖK Ökológiai és Botanikai Intézet*

*Dr. Kovács Anikó*

*tudományos munkatárs, MTA ÖK Ökológiai és Botanikai Intézet*

---

**Növény-pollinátor hálózatok különböző táji és agrárkezelési paraméterek  
függvényében**

Az ökoszisztéma kutatások egyik fontos területe a pollináció, mint szabályozó szolgáltatás. A globális biodiverzitás csökkenés miatt sérülő rendszerek komoly problémát jelentenek, mivel a zárvatermők több mint 80%-a, és a gazdaságilag fontos növénytermelés harmada állati beporzást igényel. A mezőgazdasági művelés miatt egyre nagyobb nyomásnak kitett pollinátor közösségek vizsgálata ezért kiemelten fontos; funkcionális kapcsolatuk a növényekkel, a hálózattudomány eszközeivel jól vizsgálható.

Az erdélyi Szászföldön végzett kutatásunkban a topográfiai komplexitás, táji heterogenitás és a fás borítottság hatását vizsgáltuk szántók és gyepek pollinátor közösségeire, három tavaszi-nyári mintavétel alkalmával. A táji változók mellett figyelembe vettük a virágzó növényfajok és virágok számának hatását. A transzektmenti mintavételek során az észlelt pollinátorok egyedszámát taxonómiai és funkcionális alapon vontuk össze. Az egyes csoportok abundanciáját a táji és lokális léptékű változók függvényében, általános lineáris kevert modellekkel elemeztük. A megfigyelt pollinátor csoportok és az általuk látogatott növények kapcsolatrendszerét centralitás indexekkel vizsgáltuk.

A megfigyelt vadméhek és lepkék a gyepeken, míg a poszméhek és a zengőlegyek a szántókon voltak jelen nagyobb egyedszámban. Időbeli dinamikát tekintve a legkisebb májusban, a legnagyobb júliusban volt a vizsgált csoportok egyedszáma. A pollinátorok közül a foksám eloszlás alapján a vadméhek tekinthetők minden mintavételi periódusban a leginkább kulcsfontosságú csoportnak, míg a mindhárom hónapban központinak számító növények centralitás értéke az egyes periódusok alatt változó tendenciát mutatott.

A vadméhek magas centralitás értéke egyértelműen jelzi a csoport jelentőségét, míg a növények esetében a kulcsfontosságú fajok váltakozása a közösség szerkezetének szezonális dinamikájával magyarázható. A pollinációs rendszerek stabil fennmaradásának érdekében kiemelkedő figyelmet kell fordítani a hálózat egésze szempontjából központi szerepet betöltő növény és állatfajokra egyaránt, melyet például gazdagabb virágos vegetációjú területek agrártájban való megtartásával segíthetünk.

---

## VISELKEDÉSÖKOLÓGIA

2013. április 3., ETSZK „B” épület (Bal fasor), EB-004-8 terem, 9:00-12:00

Zsúri: Prof. Dr. Török János, Prof. Dr. Barta Zoltán, Prof. Dr. Moskát Csaba

|             |  |
|-------------|--|
| 9:00-9:15   | <b>Boross Nóra</b> (ELTE TTK): A hematokrit és az egyedi minőség kapcsolata orvos légykapónál  |
| 9:15-9:30   | <b>Czibere Cecília</b> (SZTE TTK): Gazda és kutya személyiségének szerepe a kutya viselkedésére a módosított Idegennyelzet tesztben: Előzetes eredmények   |
| 9:30-9:45   | <b>Földi Levente, Csáti Zsófia</b> (ELTE TTK): A kutya, mint viselkedésgenetikai modell: az oxytocin receptor gén polimorfizmusainak és különböző szocio-kognitív képességek asszociációjának vizsgálata |
| 9:45-10:00  | <b>Jónás Bianka</b> (ELTE TTK): Énekesmadarak hurokvonulásának kimutatása biometria adatok alapján   |
| 10:00-10:15 | <b>Kórodi Kitti, Mácsai Villó, Zsadányi Zsuzsa</b> (SZTE BTK): Arizona életmenet tesztbattéria: előtesztelés   |
| 10:15-10:45 | szünet   |
| 10:45-11:00 | <b>Mészáros Boglárka</b> (ELTE TTK): Vérparazita fertőzés és minőségjelző bélyegek kapcsolata a zöld gyíknál ( <i>Lacerta viridis</i> )  |
| 11:00-11:15 | <b>iff. Nagy Jenő</b> (DE TTK): Környezeti tényezők szerepe a kooperatív költés evolúciójában madaraknál   |
| 11:15-11:30 | <b>Nagy Zsófia</b> (ELTE TTK): Güzüegér ( <i>Mus spicilegus</i> ) fészkek építésének vizsgálata  |
| 11:30-11:45 | <b>Petró Eszter</b> (ELTE TTK): Kisautó segíts! A „kérő” viselkedés megjelenése kutya-robot interakció során   |
| 11:45-12:00 | <b>Répás Máté István</b> (ELTE TTK): A güzüegerek halompépítésének hatása a parlagfű eloszlásra  |

---



---

**BOROSS NÓRA**

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Török János  
egyetemi tanár, ELTE TTK*

---

### **A hematokrit és az egyedi minőség kapcsolata örvös légykapónál**

A vér hematokrit értéke az egyed fiziológiai állapotáról nyújt információt. Feltehetőleg a magas hematokrit szint jó egészségi állapotot tükröz. A vörösvértestek számának növelésén keresztül nő a felvehető oxigén mennyisége, ami fokozott fizikai igénybevétel esetén teljesítménynövekedést eredményez.

Odútelepen költő, természetes örvös légykapó (*Ficedula albicollis*) populációban három évben vizsgáltam a hematokrit érték évek, ivarok és szaporodási stádiumok közötti min-tázatát. A hematokrit és az egyedi minőséget jelző morfológiai, tollazati és fiziológiai változók, valamint tojók esetén a fészekalj nagyság kapcsolatát elemeztem. A szaporodási stádiumok közötti egyedi hematokrit értékek változását a hímek szaporodási sikerével is összevettem. A hematokrit és az egyedi változók évek közötti eltéréseinek kapcsolatát vizsgáltam. Az „assortative mating” hipotézisét teszteltem és számoltam az egyedek hematokrit értékének évek közötti repetabilitását.

A hímek udvarlás alatti hematokrit értékei jelentős évhatást mutattak. A fiókákat nevelő tojóknál szintén erős volt az évhatás, a hímek nevelés alatti értékei ellenben nem különböztek évek között. 2009-ben a tojók magasabb hematokrit értékkel rendelkeztek, mint a hímek. A két szaporodási stádium összehasonlítása során a hímek udvarlás alatti hematokrit szintje magasabb volt, mint nevelés esetén. Az egyedek jellemzésére használt változók (kondíció, homlokfolt, szárnyfolt, kor, oxidatív állapot) és a fészekalj nagyság nem mutatott szignifikáns kapcsolatot a hematokrit értékkel. A hematokrit stádiumok közötti eltérése nem korrelált a becsült egyedi minőséggel, azonban az évek közötti hematokrit eltérés az egyedek kondíció változásával szignifikáns összefüggést mutatott. Az „assortative mating” hipotézise esetünkben nem igazolódott. Az egyedek hematokrit értékei évek között szignifikáns repetabilitást mutattak.

Az évek közötti varianciát az eltérő környezeti feltételek (pl.: táplálékélérhetőség) okozhatják. Az udvarlás alatt mért magas hematokrit a megelőző vonulás nagy energiaigényének következménye lehet. Az egyedi változókkal végzett elemzések alapján, a hematokrit értéke az egyed minőségének más aspektusait jelezheti, mint az általunk használt egyéb minőségjelző változók. Az egyedi hematokrit értékek évek közötti repetabilitása lehetővé teszi, hogy a jelleg az egyed aktuális állapota mellett, általános egészségi állapotáról is informáljon.

---

**CZIBERE CECÍLIA**

Biológia Bsc

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:*

*Brúder Ildikó*

*PhD-hallgató, ELTE TTK*

*Miklósi Ádám*

*tanszékvezető, ELTE TTK*

---

**Gazda és kutya személyiségének szerepe a kutya viselkedésére a módosított  
Idegenhelyzet tesztben: Előzetes eredmények**

A kutyával foglalkozó újabb kutatások nagy hangsúlyt fektetnek a kutya személyiségének leírására, amelyek azonban a gazda véleménye alapján határozzák meg a kutyák személyiségvonásait. Ugyanakkor az etológiai megközelítés alapján nagyon fontos lenne megvizsgálni, hogy a kérdőívek alapján készített jellemzés milyen mértékben függ össze a pontosan kidolgozott tesztekben megfigyelhető, illetve mérhető viselkedéssel.

Jelen kutatásban azt vizsgáljuk, hogy a kutya Idegen helyzet tesztben megfigyelt viselkedése milyen mértékben mutat összefüggést a kutya és a gazda kérdőívekkel leírt személyiségvonásaival. Negyven különböző fajtájú és keverék kutya gazdáját kértük meg, hogy egy kutyára vonatkozó standard személyiségteszt (5 vonásos elemzés: Extroverzió/introverzió, Együttműködés, Lelkiismeretesség, Stabilitás/neurocitás, Élményekre való nyitottság) segítségével jellemezze saját magát, illetve kutyáját. Ezt követően a kutyákat Idegen helyzet tesztben figyeltük meg.

Előzetes eredményeink szerint a kutyák gazda irányába mutatott aktivitása, illetve játékosága összefüggést mutat a kutya stabilitásával, illetve együttműködési készségével.

A megfigyelések igazolják, hogy egyezés mutatkozik a gazdák által nyújtott személyiségleírás, illetve bizonyos tesztekben mutatott viselkedés között. Egyelőre igen kevés ilyen típusú vizsgálatot végeztek, így nehéz megállapítani, hogy a kérdőívekkel vagy viselkedésteszték révén feltárt személyiségvonások előnyösebbek-e a kutyák egyedi különbségeinek leírására.

---

**FÖLDI LEVENTE**

Biológia BSc

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar**CSÁTI ZSÓFIA**

Biológia BSc

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem  
Természettudományi Kar*Témavezetők:**Kis Anna**PhD-hallgató, ELTE TTK**Dr. Lakatos Gabriella**tudományos munkatárs, ELTE TTK*

---

**A kutya, mint viselkedésgenetikai modell: az oxytocin receptor gén  
polimorfizmusainak és különböző szocio-kognitív képességek asszociációjának  
vizsgálata**

A kutyák az emberrel való hosszú együttélésnek és az emberi környezethez történő alkalmazkodásnak köszönhetően kiváló modellnek bizonyultak a humán szociális interakciók vizsgálatában. Továbbá számos eddigi kutatás utal arra, hogy a kutya többek között viselkedésgenetikai modellnek is alkalmas. Az emberi szocialitás egyik meghatározó eleme az oxytocin rendszer; számos eredmény bizonyítja, hogy az oxytocin receptor polimorfizmusai ember esetében összefüggésben állnak komplex szociális viselkedésekkel. Mindezek alapján kutatásunk során a kutya szocio-kognitív képességeinek bizonyos aspektusait és az oxytocin receptor gén szabályozó (5' és 3' UTR) régióiban található polimorfizmusainak asszociációját vizsgáltuk. Eredményeink azt mutatták, hogy az oxytocin receptor gén polimorfizmusok összefüggésben állnak azzal, hogy a kutya hogyan reagál egy idegen emberre, milyen viselkedést mutat szeparáció alatt, és néz-e emberre probléma helyzetben. Mindezek alapján elmondhatjuk, hogy a kutya emberre irányuló szociális viselkedése, az ember esetében leírtakhoz hasonlóan, összefüggésben áll az oxytocin rendszerrel. Továbbá eredményeink megerősítik és kiterjesztik azt az elképzelést, hogy a kutya alkalmas viselkedésgenetikai modellnek.

---

**JÓNÁS BIANKA**

biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Dr. Csörgő Tibor*

*tudományos munkatárs, ELTE TTK*

---

### **Énekesmadarak hurokvonulásának kimutatása biometria adatok alapján**

Sok madárfaj követ különböző útvonalat őszi és tavaszi vonulása során. Ez a hurokvonulásnak nevezett jelenség történhet az óramutató járásával megegyező (pl. szalakóta, kerti poszáta, sárgarigó), de azzal ellentétes irányban is (pl. ugartyúk, fűj, kis poszáta). A hurokvonulást számos tényező befolyásolja, többek között az idő-optimalizáció, a földrajzi barrierék (tengerek, magashegységek, sivatagok), az időjárás és annak hatása az élőhelyek minőségére.

Az északabbi eredetű fajok populációinak a fészkelő- és telelőterület közötti nagyobb távolság miatt átlagos szárnyhossza nagyobb, szárnya hegyesebb a délebbiekénél. Ha az adult vonuló egyedek átlagos szárnyhossz-eloszlása az összetétel megváltozásából adódóan ősszel és tavasszal szignifikánsan különbözik az adott területen, az egyedek egy része feltételezhetően hurokvonuló. Mivel a vedlés során a szárnyhossz nő, az azt követő szezonban szignifikánsan rövidebb vagy a vedlés által indokoltnál hosszabb szárny is hurokvonulásra utal.

Vizsgálatunk 14 énekesmadárfaj (*Turdidae*, *Sylviidae*, *Muscicapidae*, *Lanidae*) mintegy 21500 adult egyedének 1984-2010 között, az Ócsai Madárvártán gyűjtött szárnyhossz adatain alapul, melyeket Welch-tesztel hasonlítottunk össze. Az eredmények értékelése a választott fajok vedlési stratégiáján alapult. Öt *postnuptialis*, 8 *prenuptialis* vedlésű, 1 faj mindkét szezonban vedlik. A tollak kopásából származó hibalehetőségek elkerülésére az ezt leíró, 0-3-ig terjedő skálából csak az első két kategóriába (0-1) tartozó adatokkal számoltunk.

A mindkét szezonban vedlő fitiszfűzike (*Phylloscopus trochilus*), és a nyáron vedlő 5 faj közül 3 esetében az átlagos őszi szárnyhossz szignifikánsan rövidebb a tavaszinál, bizonyítva a hurokvonulást. A téli vedlésű madarak átlagos szárnyhossza tavasszal szignifikánsan hosszabb, de a különbségek (0,4-0,8 mm) 1 faj, a sisegő fűzike (*Phylloscopus sibilatrix*) kivételével (1,5 mm) átfednek a vedlésből származó növekedés várt mértékével. A cserregő nádiposzáta (*Acrocephalus scirpaceus*) és a csilpcsalpfűzike (*Phylloscopus collybita*) populációi a Kárpát-medence területén belül izolátumnak tekinthetők, számottevő átvonuló állományuk nincs, így esetükben a hurokvonulás fel sem merülhet. Ezeket a fajokat kontrollként használtuk. A bizonyítottan hurok-vonuló töviszűrő gébics (*Lanius collurio*) átlagos őszi és tavaszi szárnyhosszában nem mutathatók ki szignifikáns különbségek, mert a két szezonban használt útvonalak ezen a szélességi fokon már közel vezetnek egymáshoz.

---

**KÓRÓDI KITTI**

pszichológia  
BA, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem  
Bölcsészettudományi Kar

**ZSADÁNYI ZSUZSA**

pszichológia  
BA, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem  
Bölcsészettudományi Kar

**MÁCSAI VILLÓ**

Pszichológia  
BA, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem  
Bölcsészettudományi Kar

*Témavezető:  
Dr. Tisljár Roland  
egyetemi adjunktus, DE OEC*

---

**Arizona életmenet tesztbatteria: előtesztelés**

Dolgozatunkban a Figueredo és munkatársai (2007) által kidolgozott, nyolc skálából álló kérdőívnek (*The Arizona Life History Battery*) magyar nyelvű lefordított változatának előtesztelését mutatjuk be, amely az életmenet-stratégiák viselkedés és kognitív vonatkozásairól ad információt. Célunk a teszt feltáró és konfirmáló faktoranalízisének és belső megbízhatóságának vizsgálata, valamint későbbi magyarországi validálása, mivel a teszten egyénileg elért pontszámok összesítéséből meghatározott, úgynevezett K-faktor kontinuum mentén képet kaphatunk az egyénre jellemző életmenet stratégiát illetően, azaz a szexuális, reprodukív, szülői és szociális szokásairól. A magyar tesztet összesen 231 fő (55 férfi és 176 nő) töltötte ki online és offline formában, életkoruk 9 és 64 év közötti intervallumra tehető (átlag: 25,77; SD: 10,322). Az eredeti skálabeosztás alapján kiszámított, a belső konzisztenciát mutató Cronbach-alfa értékek mindenhol 0,8 fölött vannak. A feltáró és konfirmáló faktoranalízis alapján a 199 *item*-ből (tétel) 32 törlésre javasolt. A teszt belső megbízhatósága eredményeink alapján megfelelő, azonban validitásának mérése csak mintabővítés esetén lehetséges.

---

**MÉSZÁROS BOGLÁRKA**

biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Herczeg Gábor*

*egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

*Molnár Orsolya Rita*

*doktorjelölt, ELTE TTK*

---

**Vérparazita fertőzés és minőségjelző bélyegek kapcsolata a zöld gyíknál (*Lacerta viridis*)**

A szexuális szelekció elmélete abból a megfigyelésből ered, hogy vannak fajok, ahol az egyik nem képviselői (általában a hímek) feltűnő jelzésekkel rendelkeznek, amelyek túlélési esélyeiket csökkentik, de szaporodási sikerüket növelik. Ezek a tulajdonságok ösztönien jelzik viselőjük egyedi minőségét. A párválasztás során a választó fél (általában a nőstények) ezen jelzések segítségével választja ki azt a hímeket, amellyel a legjobb minőségű utódokat hozhatja létre. Ezeket a tulajdonságokat ivari (szexuális) jelzéseknek nevezzük. A szexuális jelzés több mechanizmus útján is kapcsolódhat az egyedi minőséghez. Ezek közül az egyiket a parazita-mediált szexuális szelekció elmélete (Hamilton-Zuk hipotézis) magyarázza, mely szerint a parazita fertőzés befolyásolhatja az ivari jelzések kifejeződését. A rezisztensebb egyedek számára kisebb költséggel jár az élősködő elleni védekezés, így több energiát képesek a szexuális jelzések kialakításába fektetni, míg a kevésbé rezisztens egyedek nem képesek intenzív jelzések kialakítására, tehát az intenzívebb ivari jelzések viselőjük nagyobb fokú ellenálló képességét, ezen keresztül jobb minőségét jelzik. Így ha a nőstények az intenzívebb jelzéseket hordozó hímeket részesítik előnyben, utódaikat nagy valószínűséggel jobb genetikai tulajdonságokat hordozó apával hozhatják létre. Korábbi vizsgálatok kimutatták, hogy a zöld gyík (*Lacerta viridis*) hímek ultraibolya-kék torokfoltja pozitívan befolyásolja a hölgyválaszt (interszexuális szelekció) és a hím-hím versengés (intra-szexuális szelekció) kimenetelét is mint többszörösen összetett, kondíciófüggő ivari jelzés. Jelen vizsgálatom célja a Hamilton-Zuk hipotézis tesztelése volt hím zöld gyíkok vizsgálatával. Vizsgálatom során 30 ivarérett hímtől vettem vérmintát a szaporodási időszak alatt, majd fixálást és Giemsa-val történő festést követően mikroszkóp segítségével azonosítottam a vérparazitákat. A prevalencia 96,7% volt, több *Hameogregaridae* családba tartozó élősködőt is kimutattam. Az egyedenkénti fertőzési intenzitás negatív összefüggést mutatott a torok és a has színézeti intenzitásával. Emellett pozitív összefüggést találtam a fertőzöttség és a testméret illetve a kondíció között, továbbá negatív kapcsolatot az aszimmetria mértékével és a befogáskor észlelt kullancsok számával. A vizsgálat kimutatta, hogy a hím zöld gyíkok torokfoltja egy többszörösen összetett megbízható ivari jelzés, mely információt közvetít a viselője egészségéről a Hamilton-Zuk hipotézissel összhangban.

---

**IFJ. NAGY JENŐ**

Biológus

MSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:*

*Dr. Tökölyi Jácint*

*egyetemi tanársegéd, DE TTK*

---

### **Környezeti tényezők szerepe a kooperatív költés evolúciójában madaraknál**

Jelen vizsgálatban olyan kérdésre kerestem választ, hogy vajon milyen tényezők befolyásolhatják a kooperatív költési rendszer jelenlétét egy adott környezetben és a páron kívüli kapcsolatok hogyan változtatják meg ezeket az összefüggéseket. Az irodalomban fellelhető korábbi tanulmányok nyomán feltételezhetjük, hogy a páron kívüli kapcsolatok, kooperatív költési rendszerek és környezet között fennálló összefüggések egyik legfontosabb pillére a környezet befolyásoló hatása, mely a promiszkuitást és a kooperatív költési rendszert esetleg egymástól függetlenül is meghatározhatja. Ebben a tanulmányban a kooperatív költési rendszer (továbbiakban, kooperációként, ilyen értelemben szerepelhet) két kategóriában lett definiálva: 1) jellemző-e a segítő (kooperatív), 2) segítő nem jellemző a fajra (nem kooperatív). A több mint 9000 madárfajra gyűjtött életmenet és klimatikus adatok felhasználásával próbáltam a kérdésekre választ kapni. A 4125 madárfajjal történő vizsgálat a kooperatív költési rendszer megjelenését befolyásoló tényezők között a fészekalj méretét, az elterjedési területen mért átlagos hőmérsékletet, a testtömeget és a vonulást mutatta a legfontosabb tényezőkné. Ellenben a 193 fajos filogenetikai elemzés esetében a kooperatív költés, életmenet jellemzők és a klíma kapcsolata mellett a promiszkuitás jelenlétének hatását is elemeztem. Ebben az esetben a klimatikus tényezők fontossága mellett a kooperáció jelenlétében alacsonyabb promiszkuitás szint adódott.

---

**NAGY ZSÓFIA**

biológus

Osztatlan, 15. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:*

*Altbäcker Vilmos*

*egyetemi docens, ELTE TTK*

---

### **Güzüegér (*Mus spicilegus*) fészkek építésének vizsgálata**

Az áttelelés különösen nehéz feladat a mérsékelt égövi kisemlősöknek az alacsony hőmérséklet és a táplálékhiány következtében. Az általunk vizsgált, hazánkban is őshonosan előforduló kisemlős güzüegér (*Mus spicilegus*) az áttelelés egy speciális formáját mutatja. A güzü felhagyott szántókon családi csoportokban él. Korábbi vizsgálatok alapján tudjuk, hogy a kolóniák a különféle funkciókra eltérő növényeket használnak fel az őszi-téli időszakban. Egy-egy család októberre földdel befedett növényekből hatalmas halmot készít, az állatok a nappalt a halom alatti védett helyen található fészkekben töltik, és éjszakánként a környéken kétszikűeket fogyasztanak. Mint laboratóriumi tesztek kimutatták, az egerek a nappalt a fészkekben, rokonaikkal össze-bújva töltik, így a téli hidegben a fészkek minősége alapvető fontosságú számukra. Megelőző terepi felmérés nyomán ismeretes, hogy a kiásott güzüegér fészkek alapvetően egyszikűekből, főként kukorica (*Zea mays*) vagy muhar (*Setaria* sp.) fajok száraz leveleiből állnak. Jelen vizsgálatunk arra irányult, hogy a fészkekanyag választásban mik a preferált növényi tulajdonságok az egerek számára. Két utas választási tesztekben a naív alanyok választhattak zöld és elszáradt növények, valamint rövid és hosszú fűcsomók között. A güzü a száraz, hosszú levelű füvet preferálták. Megvizsgáltuk a felkínálásra került anyagok vízszívó képességét is, hogy megtudjuk ez alapján indokolható-e a választás eredménye. A tesztek során megállapítottuk, hogy a güzü a begyűjtött fészkekanyagot tovább aprítják. Terepi fészkek elemzése során kimutatható volt, hogy a fészkek réteges szerkezetű. Míg a fészkek perifériában a hosszú szálak dominálnak, a fészkek belsejében apríték található. Ezek az eredmények azt mutatják, hogy az egerek olyan száraz anyagokat gyűjtenek, amik jó nedvszívó és hőszigetelő képességű fészekké szöhetők. A fészkekben az állatok párja és vizelete révén is keletkezik azonban nedvesség, amit a fészkekanyag képes lehet elvezetni, ezzel járulva hozzá az egereket körülvevő közeg szárazon tartásához. Ez az összebújással együtt, csökkentheti az energia veszteséget és hozzájárulhat a güzü kiemelkedően jó téli túléléséhez.



---

**PETRÓ ESZTER**

biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:*

*Dr. Miklósi Ádám*

*tanszékvezető egyetemi docens, ELTE TTK*

*Gergel Anna*

*PhD-hallgató, ELTE TTK*

---

### **Kisautó segíts! A „kérő” viselkedés megjelenése kutya-robot interakció során**

A robotok használata egy új lehetőséget nyújt a szociális viselkedés megismeréséhez. Hiszen a szociális viselkedés mindig több egyed között zajló interakciót jelent így az egyedek befolyásolják egymás viselkedését, ezért a szociális interakciók tudományos vizsgálata nehezen kontrollálható és ismételhető. A robotok használata segítséget nyújthat az ilyen vizsgálatok során, mivel előre programozhatóak, így sokkal kontrollálhatóbbá válik a vizsgálat.

Jelen kutatásban a kutyák szociális interakciójának kialakulását vizsgáltuk egy problémamegoldó feladatban egy, a kutyák számára addig ismeretlen mozgó tárgy segítségével (AMot: egy távirányításos kisautó). Kontrollként egy nem szociálisan viselkedő emberrel mutatott interakciójukat figyeltük meg. Egymás után végzett próbákban az AMot (illetve az ember) a kutya számára elérhetetlen jutalmat, odavitte a kutyához.

A kérdésünk az volt, hogy mutatnak-e a kutyák kérő viselkedést az AMot-felé egy problémamegoldó feladatban. Elképzeléseink szerint a kutyák interakciós hajlamát nagymértékben befolyásolja, hogy a AMot-t milyen – az élőlényekre jellemző – tulajdonságokkal ruházzuk fel (pl. célorientált mozgás, interaktivitás, szemmotívum) tekintve, hogy a AMot külső jegyeit tekintve sem kutyára sem emberre nem hasonlít.

Az eredmények alátámasztották az elvárásainkat, miszerint a kutyák a próbák során egyre több ideig néztek az AMot-ra és egyre korábban közelítették meg azt. Ezek a viselkedésformák korábban jelentkeztek, ha az AMot több, az élőlényekre jellemző tulajdonságot mutatott és sokkal kevésbé jelentek meg a nem szociálisan viselkedő ember irányába. A megfigyelt viselkedésformák sok tekintetben megfelelnek a gazda felé mutatott „kérő” viselkedésnek.

Ezek a megfigyelések azt bizonyítják, hogy a kutya korábbi tapasztalatait egy rövid interakciót követően képes idegen lények irányában is hatékonyan alkalmazni. Az általunk kifejlesztett új módszer (kutya-AMot interakció) alkalmas lehet a kutyák szociális viselkedésének mélyebb tanulmányozására.

---

**A gűzüegerek halomépítésének hatása a parlagfű eloszlásra**

A parlagfű (*Ambrosia artemisiiflora*) egész Európában elterjedt, hazánkban különösen gyakori gyomnövény, amely nagy gazdasági károkat okoz. Munkám során a parlagfű elleni védekezés egy újonnan megismert lehetőségét vizsgáltam elméleti modellek felállításán keresztül. A felhagyott parlagfüves szántók specializált lakója a gűzüegér (*Mus spicilegus*) amely ősszel hatalmas hordásokat készít, mivel több száz literes halomba hordja a helyi gyomokat és földdel fedi be őket. Mivel az egerek által gyűjtött parlagfű a több mint 10 cm-es földréteggel lefedve nem tud kihajtani, így a gűzü hordások környékén kiritkul a növény. A gűzüegerek természetes viselkedése nagyban csökkentheti egy özöngyomokkal fertőzött területen a földre hulló gyommagvak számát, hiszen az egerek a hordás környékén eltávolítják a kalászkok többségét. Mivel a gűzühalmok közel szabályos elrendezésben, egymástól kb 15 méterre találhatók, és az állatok a hordáskor a kalászkok többségét begyűjtik, ez, valamint a vastag földréteggel borított magok csírázása, a befolyással lehet a parlagfű jövőbeli térbeli elterjedésére. Modellezés segítségével vizsgáltam a folyamat térbeli dinamikáját. Egy egyszerű alapmodellt készítettem, melynek segítségével kiszámítható mekkora hatásokkal gyűjtik az egerek a parlagfű magokat egy átlagos mezőgazdasági parcellán. Az alapmodell által jósolt eloszlást összevettem azzal, milyen messzire juthatnak a parlagfűmagok a szél segítségével. Eredményeim alapján a parlagfű gyűjtő gűzüegerek lényegesen befolyásolják a parlagfű eloszlást, így új lehetőséget jelenthetnek ezen gyom elleni biológiai védekezésben.

---

## NÉVMUTATÓ

### A,Á

|                      |     |
|----------------------|-----|
| ABONYI CSILLA.....   | 87  |
| ÁCS VERONIKA .....   | 47  |
| ÁGH NÓRA .....       | 25  |
| ALBERT ZSÓFIA.....   | 213 |
| ALFÖLDI RÓBERT ..... | 177 |
| ÁMON JUDIT.....      | 147 |
| ARANY JÓZSEF .....   | 26  |

### B

|                           |          |
|---------------------------|----------|
| BAKACSY LÁSZLÓ.....       | 253      |
| BALÁZS ADRIENN.....       | 267      |
| BÁLINT LÁSZLÓ .....       | 27       |
| BANKÓ ZSUZSANNA .....     | 123      |
| BÁRÁNY GUSZTÁV .....      | 88       |
| BÁRDOS GERGŐ .....        | 111      |
| BARKÁTS NORBERT .....     | 17       |
| BÁRKOVICS BONITA .....    | 167      |
| BARNÁS KATALIN .....      | 148      |
| BARTI BENJÁMIN .....      | 187      |
| BÁTOR HAJNALKA .....      | 157      |
| BELA KRISZTINA.....       | 233      |
| BEREKMÉRI ESZTER .....    | 199      |
| BERTA CSABA.....          | 99 , 117 |
| BOGNÁR ANNA.....          | 200      |
| BOLLA BEÁTA SZILVIA ..... | 124      |
| BOROSS NÓRA .....         | 281      |
| BORSOS MÁTÉ .....         | 89 , 178 |
| BRANKOVICS BALÁZS .....   | 137      |
| BURJÁN EVELIN .....       | 254      |

### C

|                        |     |
|------------------------|-----|
| CZIBERE CECÍLIA.....   | 282 |
| CZIKORA MÁTÉ .....     | 57  |
| CZOTTER NIKOLETTA..... | 188 |
| CZUNI LILLA .....      | 158 |

### Cs

|                         |     |
|-------------------------|-----|
| CSABAI ZSOLT .....      | 168 |
| CSÁLYI KITTI DÓRA ..... | 90  |
| CSATÁRI GÁBOR .....     | 112 |
| CSÁTI ZSÓFIA .....      | 283 |

|                       |     |
|-----------------------|-----|
| CSEH VIKTÓRIA .....   | 268 |
| CSIZMADIA TAMÁS ..... | 179 |
| CSONKA KATALIN .....  | 125 |
| CSURGYÓK ROLAND ..... | 189 |

### D

|                      |     |
|----------------------|-----|
| DELI MÁRTA .....     | 223 |
| DOBOS ANDRÁS.....    | 66  |
| DOBROTKA PAULA ..... | 67  |
| DOBSON LÁSZLÓ.....   | 48  |
| DOFFKAY ZSOLT .....  | 68  |
| DÚL ZOLTÁN .....     | 49  |

### E,É

|                       |     |
|-----------------------|-----|
| ECSÉDI PÉTER .....    | 58  |
| ERDEI ANNA LAURA..... | 238 |
| ERDEI LILLA .....     | 126 |
| ERŐS ÁGNES .....      | 91  |

### F

|                              |     |
|------------------------------|-----|
| FARKAS ANITA .....           | 149 |
| FENYVESI VIKTOR SÁNDOR ..... | 138 |
| FERENC KATALIN TERÉZIA ..... | 190 |
| FERI DIANA .....             | 113 |
| FÖLDI LEVENTE.....           | 283 |
| FÜLÖP ANIKÓ .....            | 201 |

### G

|                           |           |
|---------------------------|-----------|
| GÁBOR ANNA .....          | 30        |
| GÁBOR ERIKA .....         | 127       |
| GÁL ELEONÓRA.....         | 169 , 170 |
| GÁL JÚLIA TÜNDE.....      | 37        |
| GARDA TAMÁS .....         | 224       |
| GÁSPÁR BENCE.....         | 255       |
| GERMÁN-SALLÓ ZSÓFIA ..... | 18        |
| GOMBOS MAGDOLNA .....     | 243       |

### Gy

|                               |     |
|-------------------------------|-----|
| GYÖRFI VIKTÓRIA ZSUZSANNA ... | 245 |
| GYÖRGY ANDREA.....            | 244 |

|                                  |  |                                       |
|----------------------------------|--|---------------------------------------|
| <b>H</b>                         |  | KOVÁCS DÁNIEL ..... 256               |
| HAMMER TAMÁS ..... 38            |  | KOVÁCS DÁVID ..... 181                |
| HANGYA NOÉMI ..... 269           |  | KOVÁCS MÁTYÁS ..... 182               |
| HARAZIN ANDRÁS ..... 19          |  | KOVÁCS SZILÁRD ..... 257              |
| HÁRSÁGYI DOROTTYA ..... 31       |  | KOVÁCS ZOLTÁN ..... 258               |
| HATOS ANDRÁS ..... 50            |  | KOVÁSZNAI-OLÁH RICHÁRD ..... 258      |
| HENN BERNADETT ..... 114         |  | KRISTON CSILLA ..... 129              |
| HEPP ANNA ..... 100              |  |                                       |
| HERMÁN BOGLÁRKA ..... 69         |  | <b>L</b>                              |
| HORVÁTH ÁRON ..... 246           |  | LAKATOS ESZTER ..... 52 , 79          |
| HUBAI ANDRÁS GÁBOR ..... 77 , 78 |  | LAKATOS JÁNOS ..... 141               |
|                                  |  | LAKATOS ZSANETT ..... 92              |
| <b>J</b>                         |  | LÁSZLÓ ZSÓFIA ..... 203               |
| JABLONSKY MÓNICA ..... 39        |  | LÁZÁR BENCE ..... 270                 |
| JÁMBOR ILONA ..... 234           |  | LEVICZKY TÜNDE ..... 226              |
| JÓNÁS BIANKA ..... 284           |  | LILIOM HANNA LAURA ..... 191          |
| JUHÁSZ KRISZTINA ..... 59        |  | LOVAS-KISS ÁDÁM ..... 259 , 260 , 261 |
|                                  |  | LÖKI VIKTOR ..... 260 , 261           |
|                                  |  | LUDMAN MÁRTA ..... 248                |
| <b>K</b>                         |  | LUDMERSZKI EDIT ..... 227             |
| KACSALA ISTVÁN ..... 101         |  | LUKÁCS KATALIN ODETT ..... 271        |
| KÁDÁR VERONIKA ..... 180         |  | LUKÁCS MÁRK SEBESTYÉN ..... 249       |
| KAKUK BALÁZS ..... 70            |  |                                       |
| KANTA ESZTER ..... 171           |  | <b>M</b>                              |
| KARAP LAURA ..... 102            |  | MÁCSAI VILLŐ ..... 285                |
| KARSAI GERGELY ..... 202         |  | MAGYARI MÁRTA ..... 151               |
| KASSAY NORBERT ..... 60          |  | MAJOR KATALIN ..... 215               |
| KASZAB ESZTER ..... 128          |  | MAKRA ILDIKÓ ..... 130                |
| KASZÁS KRISZTINA ..... 167       |  | MARTINA MÁTÉ ..... 61                 |
| KATI SÁRA ..... 115              |  | MARTOS DIÁNA ..... 192                |
| KATONA BETTINA ..... 116         |  | MÁTAI ANIKÓ ..... 228                 |
| KATONA PATRIK ..... 80           |  | MENTES ANIKÓ ..... 142                |
| KELEMEN KRISZTINA ..... 18       |  | MÉSZÁROS BOGLÁRKA ..... 286           |
| KELEMEN PETRA ..... 28           |  | MIZSEI EDVÁRD ..... 80 , 259          |
| KEMENESI GÁBOR ..... 150         |  | MÓDOS DEZSŐ ..... 49                  |
| KÉPIRÓ ANIKÓ ..... 247           |  | MORVAI ANITA ..... 31                 |
| KEREKES ERIKA-BEÁTA ..... 139    |  | MÓZES EDINA ..... 272                 |
| KERESE KINGA ..... 20            |  | MÜLLER BRIGITTA ..... 236             |
| KIRÁLY GÁBOR ..... 71            |  |                                       |
| KIRSCH KLÁRA ..... 51            |  | <b>N</b>                              |
| KIS OLGA ..... 40                |  | NAGY ATTILA GERGŐ ..... 193           |
| KISS ÁGNES ..... 159             |  | NAGY JENŐ ..... 287                   |
| KISS TÜNDE ..... 235             |  | NAGY NOÉMI ..... 172                  |
| KISS ZOLTÁN ..... 225            |  | NAGY ZSÓFIA ..... 288                 |
| KNYIHÁR VIKTÓRIA ..... 214       |  | NEMESHÁZI EDINA ..... 81 , 273        |
| KÓKAI ZSUZSANNA ..... 103        |  | NÉMETH JULIANNA ..... 262             |
| KOLCSÁR LEVENTE-PÉTER ..... 41   |  | NÉMETH KINGA ..... 72                 |
| KONCZ MIHÁLY ..... 152           |  | NÉMETH LÁSZLÓ ..... 99 , 117          |
| KÓNYA ISTVÁN ATTILA ..... 152    |  | NÉMETH PÉTER NORBERT ..... 274        |
| KÓRÓDI KITTI ..... 285           |  |                                       |
| KOVÁCS ARANKA STELLA ..... 140   |  |                                       |

---

|                   |    |
|-------------------|----|
| <b>Ny</b>         |    |
| NYERKI EMIL ..... | 73 |

## O,Ó

|                           |     |
|---------------------------|-----|
| OLÁH GÁSPÁR .....         | 204 |
| ÓNODI GÁBOR .....         | 275 |
| ORAVECZ KINGA .....       | 62  |
| OTÁRTICS MÁTÉ ZSOLT ..... | 42  |

## P

|                            |     |
|----------------------------|-----|
| PÁLDI KATALIN .....        | 248 |
| PÁLFI EMESE .....          | 216 |
| PÁLFI XÉNIA .....          | 160 |
| PÁLMAI TAMÁS .....         | 118 |
| PAP RAMÓNA .....           | 131 |
| PAPP CSABA GERGŐ .....     | 143 |
| PAPP DALMA .....           | 29  |
| PAPP GÁBOR .....           | 30  |
| PAPP LÁSZLÓ .....          | 276 |
| PETRÓ ESZTER .....         | 289 |
| PÓTI ÁDÁM .....            | 173 |
| PUSZTAI SZILVIA ANNA ..... | 194 |

## R

|                            |     |
|----------------------------|-----|
| RABI FRUZZINA ANDREA ..... | 206 |
| RÁCZ ARNOLD .....          | 43  |
| RÁCZ RITA .....            | 82  |
| RÉPÁS MÁTÉ ISTVÁN .....    | 290 |
| RIBA MILÁN .....           | 224 |
| ROFFA HAJNALKA .....       | 277 |
| ROSA MÁRTA ERZSÉBET .....  | 83  |
| RÓZSA MÁRTON .....         | 217 |
| RUMPLER ÉVA .....          | 21  |

## S

|                          |     |
|--------------------------|-----|
| SALLER ORSOLYA .....     | 43  |
| SAMU ALIZ .....          | 161 |
| SCHLINGLOFF DÁNIEL ..... | 218 |
| SCHWANER ENDRE .....     | 132 |
| SILNICKI ÁDÁM .....      | 237 |
| SINKLER RÉKA .....       | 152 |
| SMÍROVÁ LILLA .....      | 238 |
| SOMOGYI BALÁZS .....     | 31  |
| SONKOLY JUDIT .....      | 263 |
| SOÓS GÁBOR .....         | 32  |
| SPEKKER OLGA .....       | 22  |
| STEIB ANITA .....        | 183 |

## Sz

|                              |     |
|------------------------------|-----|
| SZABÓ ANDRÁS .....           | 93  |
| SZABÓ ATTILA .....           | 104 |
| SZABÓ BENCE FARKAS .....     | 205 |
| SZABÓ BORBÁLA .....          | 33  |
| SZABÓ EDINA IVETT .....      | 63  |
| SZABÓ ÉVA .....              | 105 |
| SZABOLCS MÁRTON .....        | 80  |
| SZAKÁLY ÁGNES .....          | 264 |
| SZALONTAI ÖRS .....          | 219 |
| SZEKERES SÁNDOR .....        | 162 |
| SZÉNÁSI NIKOLETT LILLA ..... | 63  |
| SZENTKIRÁLYI ÉVA .....       | 144 |
| SZILÁGYI ÁRPÁD .....         | 74  |
| SZILVÁSY-SZABÓ ANETT .....   | 206 |
| SZINCSÁK SÁRA .....          | 94  |
| SZIRÁK ÁDÁM .....            | 278 |
| SZÖGI TITANILLA ZITA .....   | 195 |

## T

|                               |     |
|-------------------------------|-----|
| TAKÁCS ATTILA .....           | 261 |
| TAKÁCS ZOLTÁN .....           | 229 |
| TÁLAS LÁSZLÓ .....            | 71  |
| TAPOLCZAI KÁLMÁN .....        | 106 |
| TARCAI ZSOLT .....            | 44  |
| TEMESFŐI VIKTÓRIA .....       | 133 |
| TODOROV MIHAIL IVILINOV ..... | 207 |
| TÓFALVI RENÁTA .....          | 220 |
| TÓTH ESZTER JUDIT .....       | 153 |
| TÓTH LILIÁNA .....            | 163 |
| TUGYI NÓRA .....              | 239 |
| TUZA SZABINA .....            | 154 |

## V

|                            |           |
|----------------------------|-----------|
| VARGA GERGELY ISTVÁN ..... | 95        |
| VARGA ZOLTÁN KRISTÓF ..... | 196       |
| VÁRHELYI ZOLTÁN PÁL .....  | 208       |
| VASS MÁTÉ .....            | 107 , 108 |
| VERES DÁNIEL .....         | 53        |
| VESZELI NÓRA .....         | 134       |
| VETŐ BORBÁLA .....         | 96        |
| VITAI GABRIELLA .....      | 119       |
| VODICKA BARBARA .....      | 174       |

## Z

|                          |     |
|--------------------------|-----|
| ZEKE LILLA .....         | 220 |
| ZELENYÁNSZKI HELGA ..... | 249 |

---

**Zs**

|                             |     |
|-----------------------------|-----|
| ZSADÁNYI ZSUZSA .....       | 285 |
| ZSEDÉNYI CSILLA KARINA..... | 209 |

---

---

## A XXXI. OTDK BIOLÓGIA SEKCIÓ TÁMOGATÓI

### Kiemelt támogatók:

Bay Zoltán Alkalmazott Kutatási Közhasznú Nonprofit Kft.  
Emberi Erőforrások Minisztériuma  
Nemzeti Tehetség Program  
„Tudományos eredmények elismerése és disszeminációja a Szegedi Tudományegyetemen” (TÁMOP-4.2.3-12/1/KONV-2012-0035)

### Támogatók:

ABL&E-JASCO Magyarország Kft.  
Alföldi Tej Kft.  
Alsó-Tisza-vidéki Vízügyi Igazgatóság  
Auro-Science Consulting Kft.  
Avidin Kft.  
Biocenter  
Bio-Dessan Magyarország Kft.  
Bio-Szeparációs Technikai Kft.  
Central European Biosystems Kft.  
Csertex Kereskedelmi és Szolgáltató Kft.  
Dél-alföldi Regionális Innovációs Ügynökség KhE.  
Egis Nyrt.  
ENVIROINVEST Környezetvédelmi és Biotechnológiai Zrt.  
Eppendorf Magyarország  
Exicom  
IKON BORÁSZAT  
Izinta Kereskedelmi Kft.  
Jate Press kiadó  
Kiskunsági Nemzeti Park Igazgatóság  
Körös-Maros Nemzeti Park Igazgatóság  
Kromat Kft.  
Kvalitex Kft.  
Lab-Comp Kft.  
Lazi Kiadó  
Life Technologies Magyarország Kft.  
Magyar Biotechnológiai Szövetség  
Magyar Mikrobiológiai Társaság  
Magyar Ökológusok Tudományos Egyesülete  
Merck Vegyi és Gyógyszeripari Kereskedelmi Kft.  
Mozaik Kiadó Kft.  
MTA Ökológiai Kutatóközpontja  
Richter Gedeon Nyrt.  
Roche Magyarország Kft.  
S-Biotech Kft.  
Sigma-Aldrich Kft.  
Solvo Biotechnology  
TermészetBÚVÁR Alapítvány  
TS Labor Kft.  
UD-GenoMed Medical Genomic Technologies Kft.  
VWR International Kft.  
Zenon Bio Kft.